



BOLETÍN DE LA SOCIEDAD ESPAÑOLA DE GENÉTICA

NÚMERO 5 · FEBRERO 1994

ÍNDICE

- Editorial
- Noticias de la SEG
- Boletín Electrónico
- Opinión J. R. Lacadena
- Resumen M. Pérez de a Vega
- Resumen F. Orozco
- Presentamos a . . . Córdoba
- Práctica de Genética N. Henriques Gil
- Bloc de notas
- Instrucciones

Comité Editor

Nicolás Jouve de la Barreda (Presidente de la SEG).
Alfonso Jiménez Sánchez (Vicepresidente).
Araceli Fominaya Yagüe (Secretaria).
M^a Dolores Ochando (Tesorera).
Juan Antonio Martín Sánchez
Marcelino Pérez de la Vega
Julián Rubio Cardiel
Lucas Sánchez Rodríguez (Vocales).

Director Editorial

Alfonso Jiménez Sánchez

Edita



UNIVERSIDAD DE EXTREMADURA
Depósito Legal: BA 274-1992
I.S.S.N.: 1133-133 X
Imprime: Tecnigraf, S.A.

EDITORIAL

BIRMINGHAM, FARO Y
BARCELONA

Tal como anunciábamos en nuestro último Boletín, el pasado mes de Agosto se constituyó formalmente la Federación de Sociedades Europeas de Genética (FEGS) con ocasión de la celebración del 17th International Congress of Genetics, celebrado en Birmingham. La constitución se realizó en una sesión privada de los representantes de las Sociedades seguida de una recepción ofrecida por Sir Ralph Riley, Presidente del Congreso, y otros miembros del comité organizador del mismo. Además de los asistentes a la reunión previa de Londres de Marzo de 1992 (ver Boletín SEG n° 3 de julio de 1992), se unieron a la Federación los miembros de la Sociedad Vavilov de la CEI, la Societas Genetica Fennica (SGE) y otras Sociedades de Mejoradores de Plantas de Rumania y Alemania. El número de Sociedades federadas pasa a ser de diecisiete, el de países representados de diecinueve y el de socios probablemente cerca de catorce mil. El incremento ha sido sustancial dada la incorporación de la Sociedad Vavilov. Sir Ralph Riley presidió la reunión de constitución y en su breve discurso mencionó España como impulsora de la idea de la Federación con ocasión de una Reunión europea de Eucarpia en Reus/Salou (Tarragona) en Mayo de 1991. Ya es conocido que la idea inicial quedó definida en Toronto (Canadá) con ocasión del anterior Congreso Mundial de Genética de 1989. En la reunión de Birmingham se tomaron además

algunas decisiones de interés. Se nombró Presidente, Secretario y Tesorero del nuevo consejo, lo que recayó respectivamente en el Prof. Neil Jones, Secretario de la Genetical Society de Gran Bretaña, el Prof. Dieter Schweizer, Chairman de la Sección de Viena y encargado de Relaciones Externas del Comité Ejecutivo de la Osterreichische Gesellschaft für Genetik und Gentechnik, y el Prof. Walther Traut, Presidente de la Gesellschaft für Genetik de Alemania. La propuesta del Dr. Neil Jones para Presidente, formulada por los representantes de Portugal y España, fue aprobada por unanimidad. Nuestra enhorabuena a Profesor Jones, merecedor de esta distinción por su eficaz trabajo al ser el auténtico conductor del proceso hasta la constitución de la FEGS. Nuestra satisfacción además por su condición de Socio de Honor de nuestra Sociedad, y un gran amante de España.

En la reunión de Birmingham se discutieron además varias propuestas para la celebración del primer congreso de la FEGS. Se optó por aprovechar un Congreso ya organizado por la Genetical Society (UK), y en fase de divulgación, sobre GENES AND CHROMOSOMES, que habrá de celebrarse en Swansea (UK) del 28 al 31 de Marzo próximos. Esta fórmula era la más rápida, y en el ánimo del Comité Ejecutivo de la FEGS está el deseo de comenzar cuanto antes a aprovechar las oportunidades de intercambio que brinda la Federación. Los socios de la SEG interesados ya saben que cuentan con la invitación

(sin pago de cuota de inscripción) para asistir a la reunión de Swansea. Dicha reunión figurará como auspiciada por la FECS y en su Programa se incluyen tres aspectos a desarrollar por este orden: Chromosome Stability (29 de Marzo), Total Genome Projects (30 de Marzo) y Genetic Regulation (31 de Marzo). A la misma se puede contribuir con comunicaciones y posters. Para más información sería oportuno contactar con el Dr. Paul Dyson (ver en la Sección de Congresos de este Boletín para más información).

El número de Sociedades de Genética federadas en la FECS pasa a ser 17, incluyendo a 19 países y unos 14.000 socios

Me gustaría destacar para terminar la gran asistencia de investigadores y de grupos españoles de investigación al Congreso de Birmingham. La representación española fue de las más nutridas de los países europeos y una buena muestra de las diferentes áreas de la Genética que se hace en nuestro país. Es de destacar la participación en comunicaciones invitadas del Prof. Carlos López-Fanjul de la Universidad Complutense de Madrid y del Dr. Miguel Toro del INIA (Madrid). Y un detalle de interés, todas las sesiones orales del Congreso (Plenarias, Simposia, Workshop, Public Awareness...) eran grabadas en cassette y ofrecidas a la venta a los quince minutos de finalizada la Sesión correspondiente. Se pueden adquirir por correo al precio de 7,25 Libras por cassette ("QED Recording Services Ltd", Lancaster Road, New Barnet, Herts EN4 8AS, Tel: 081.4417722, Fax: 081.4410777).

Otros hechos que merecen destacar han sido las dos asambleas de la SEG del pasado trimestre. La primera de carácter informal tuvo

lugar durante la celebración de las XVIII Jornadas Luso-Españolas de Genética en la ciudad portuguesa de Faro, en el Algarve. Creo que el punto más importante de lo allí tratado estuvo en conexión con la propia organización de las jornadas, así como con la decisión (más bien ratificación) de la Ciudad de Lleida, y de la persona del Prof. Juan Antonio Martín Sánchez, para la organización de las próximas. Respecto al primer punto el comentario unánime fue de decepción y crítica por la fórmula seguida en la reunión de Faro. Al igual que en las jornadas portuguesas anteriores celebradas en Coimbra, no se había estructurado un programa de comunicaciones orales. Solo conferencias invitadas y paneles. No se distribuyó el preceptivo libro de resúmenes, prometiéndose que sería enviado a posteriori a los asistentes (tres meses después esto parece más una buena intención o si alguien lo desea expresar así una promesa incumplida). La reunión de Faro, dejando a un lado la buena intención de su organizador, que al menos al que suscribe le parece puso todo lo que pudo pero contó con escasa ayuda, es una muestra de cómo no se debe organizar una reunión. No basta con la buena voluntad, una ciudad amable y buenos alrededores. No es lo sustancial el programa social. Hay que contar con una infraestructura mínima y en especial no debería dejar a su aire la reunión tras haberla convocado. Quiero dejar a salvo, y creo que con ello me hago eco de algunos de los que asistimos, la calidad de los trabajos presentados. Sin duda lo mejor de la reunión. Por otro lado no resultaron mal algunas de las sesiones de discusión de paneles. La fórmula puede ser interesante si los moderadores se toman el trabajo de leer detenidamente los paneles y logran estimular a los asistentes, convirtiendo aquello en un auténtico Seminario en el que salgan a la luz los datos más relevantes sobre técnicas, materiales, resultados y su discusión, tratando de relacionar trabajos similares presentados por diferentes grupos de investigación. Al margen de los aspectos organizativos, que sin duda hay que revisar si se desea que las jornadas de Genética sigan adelante, fue un comentario bastante unánime la calidad de los trabajos presentados en los paneles, síntoma de la buena salud y el buen

momento de la Genética que se hace por nuestras latitudes. El pasado día 15 de Noviembre celebramos en Barcelona la Asamblea General ordinaria correspondiente a 1993. El primer hecho a señalar es la propia sede de la convocatoria, ya que por primera vez la Asamblea se celebra fuera de Madrid, sin contar por supuesto las asambleas extraordinarias o las coincidentes con las Jornadas de Genética Luso-Españolas celebradas en España que probablemente serán bastantes. No es esto lo que importa destacar, lo importante es acercar la Sociedad a otras ciudades, ya que si Madrid viene manteniendo la sede de la misma desde sus orígenes en 1973 es bueno dar la oportunidad de manifestar opiniones y contribuir de forma directa a la marcha de la Sociedad en otros lugares, más o menos lejanos y en los que haya bastantes socios. Este es el caso de Barcelona y en la Facultad de Biología de su Universidad nos reunimos. Al mismo tiempo establecimos un programa con cuatro conferencias en torno a un tema monográfico, "La Transposición", que en opinión de los asistentes fueron de gran nivel. Contribuyeron a ello y fueron sus directos responsables el Profesor D. Antonio Prevosti, que habló sobre las "Implicaciones evolutivas del fenómeno de la transposición". La segunda conferencia corrió a cargo de la Prof. Dña. Rosa de Frutos y versó sobre "Los elementos transponibles en las poblaciones de *Drosophila*". Abrió la sesión de la tarde la investigadora del John Innes Institute, Norwich (UK), Rosemary Carpenter, que expuso un aspecto de aplicación en plantas: "Transposon mutagenesis in *Antirrhinum majus*". Cerró el ciclo el Prof. D. Francisco Murillo, de la Universidad de Murcia, cuya lección versó sobre "Los elementos transponibles como herramientas para el análisis genético". Expone-mos de nuevo y en público nuestro agradecimiento al Departamento de Genética de la Universidad de Barcelona, y en particular a los Profesores Roser González y Luis Serra que se ocuparon de los preparativos de la reunión, y al Decano de la Facultad de Biología y al Vicerrector de Investigación por la acogida, facilidades y cofinanciación de la reunión.

Nicolás Jouve de la Barreda
Presidente de la SEG

NOVEDADES SOBRE LA BASE DE DATOS Y ESTATUTOS DE LA SOCIEDAD

En el mes de Noviembre se ha procedido a informatizar el archivo de socios de la SEG mediante la creación de una Base de Datos única en la que se reuniese toda la información sobre centro de trabajo, tipo de actividad, dirección, teléfono, fax, correo electrónico, especialidades, datos de domiciliación bancaria, etc. La base de datos ha sido instalada en la Secretaría Provisional de la SEG. El programa específico fue realizado por D. Fernando Vidal Latre, a quien damos públicamente las gracias, y obedece sobradamente a los deseos de la junta. Del mismo se pueden extraer informes, listados por diversos conceptos, hacer el directorio y emitir los recibos anuales, etiquetas, etc. La intención de la junta es realizar en este año un nuevo Directorio, más completo y que sustituya al anterior, para lo cual desde aquí, te rogamos nos envíes tus datos actuales si desde la última vez que lo hiciste han cambiado alguno de los conceptos que figuran en el Directorio (estos son los que aparecen en la contraportada de este Boletín). Relacionado con esto lee el siguiente artículo sobre el Boletín Electrónico BESEG.

Respecto a la Reforma de los Estatutos el proceso culminó en la Asamblea de Barcelona con la presentación por parte de la Junta del proyecto, cuyo trabajo corrió fundamentalmente a cargo del Prof. Marcelino Pérez de la Vega. El texto completo de los Estatutos será incluido en el nuevo Directorio y en el BESEG, una vez pasado el trámite de su presentación en el Ministerio correspondiente. El Proyecto fue aprobado con algunas variaciones en la citada Asamblea y en realidad pretendía la actualización del texto que adolecía de cierta obsolescencia. Destacamos aquí algunas de sus novedades:

Se hace constar la constitución de la Sociedad el 30 de Noviembre de 1972 y datos de inscripción con el Número de Registro Nacional 11492 y Provincial 1585 y registro de sus Estatutos en virtud de resolución de la Dirección General de Política Interior y Asistencia Social dictada con fecha 22 de Mayo de 1972, según consta en los Archivos de la Delegación del Gobierno de Madrid. Así como que en la actualidad se rige por las disposiciones de la Constitución Española y leyes de Asociaciones de 24 de diciembre de 1964. Se definen los fines perseguidos con más detalle que en los anteriores estatutos.

Para alcanzar los fines propuestos se indica en los estatutos que la Sociedad Española de Genética podrá establecer acuerdos de colaboración con Universidades, centros públicos de investigación, entidades culturales y científicas de tipo público o privado, empresas y

entidades agrarias y sanitarias. Hacemos un alto aquí para señalar el hecho de que fruto de un convenio de este tipo entre la SEG y la Universidad de Extremadura es la edición de este propio Boletín.

La Sociedad, se indica en los nuevos estatutos, tendrá su domicilio en el Centro en el que ejerza sus funciones el Presidente durante el período de su gestión. Dicho domicilio podrá ser cambiado si lo aprueba la mayoría de una Asamblea General. Se estructuran los tipos de socios, que pasan a ser Numerarios, de Honor y Eméritos, con derecho a voz y voto, Correspondientes y Estudiantes, con voz pero sin voto, y Protectores, sin voto.

Podrán ser Socios Numerarios aquellas personas que hayan realizado y publicado investigaciones originales en Genética. Podrán ser Socios de Honor las

personalidades relevantes en el campo de la Genética y aquellas personas que se hayan distinguido en el apoyo a la Sociedad de Genética. Socios Eméritos serán aquellos socios

numerarios que hayan pertenecido a la Sociedad Española de Genética los últimos 15 años antes de su jubilación. Socios Correspondientes serán todas aquellas personas que estén relacionadas con la Genética. Socios Estudiantes serán aquellas personas que acrediten estar realizando estudios de postgrado en el campo de la Genética. Socios Protectores podrán ser las personas, asociaciones, entidades o sociedades industriales que contribuyan al sostenimiento y desarrollo de la Sociedad y sus fines y sean aceptadas por la Asamblea General a propuesta de la junta Directiva.

También se detallan las causas por las que los Socios podrán causar baja: a) A petición propia mediante carta dirigida al Secretario de la Asociación. b) Por no hacer efectivo el importe de la cuota social durante un año. c) Por expulsión acordada por dos tercios de los asistentes a la Asamblea General a propuesta de la junta, cuando se considere que ha incurrido en falta grave u obre en perjuicio de los intereses de la Sociedad o de la ética científica.

Las normas relativas a la junta Directiva, su renovación y sistema de elecciones también han sido actualizadas. De este modo las candidaturas para los puestos de la Junta podrán presentarse individualmente a uno de los puestos o como candidatura cerrada a la totalidad de los puestos en renovación. Las candidaturas deberán

estar avaladas por un mínimo de 10 socios numerarios, eméritos o de Honor, no candidatos. La junta Directiva podrá proponer candidaturas alternativas. Para la elección se convocará una Asamblea General que podrá ser extraordinaria. El Secretario se encargará de hacer llegar la información sobre las candidaturas presentadas a todos los socios con derecho a voto con un mínimo de 15 días antes de la elección. La elección será por mayoría de votos, siendo válidos los votos por correo. Para ello se emitirán y enviarán con antelación suficiente papeletas oficiales que una vez cumplimentadas deberán ser devueltas en sobre oficial cerrado al que se adjuntará fotocopia del documento de identidad, solo a los efectos de garantizar el ejercicio del derecho a voto. En el transcurso de la votación se garantizará el anonimato de todos los votantes.

Se registran en los nuevos estatutos las funciones de los cargos de la junta Directiva y de la junta en su totalidad: Gobernar la Sociedad, salvo en aquellos casos que, según los estatutos requieran la aprobación de la Asamblea General. Proponer a la Asamblea propuesta del delegado de la SEG para el Consejo Ejecutivo de la FEGS, así como representantes de la SEG en otras federaciones científicas nacionales o internacionales. Convocar Asamblea General Extraordinaria. Examinar y decidir sobre peticiones formuladas por los socios para el apoyo y cofinanciación de reuniones científicas u otras actividades que tengan relación con los fines de la Sociedad. Hacer las propuestas a la Asamblea General para la admisión de nuevos socios.

La Sociedad celebrará Asamblea General ordinaria una vez al año, en lo posible coincidiendo con alguna reunión científica de Genética, y en la misma se aten-

derá a i) la ratificación de la admisión de nuevos socios, ii) la elección de los miembros de la junta Directiva, iii) la admisión o no de la propuesta de la junta Directiva del delegado de la SEG en el Consejo Ejecutivo de la FEGS, y de representantes de la SEG en otras Federaciones Nacionales o Internacionales, iv) la aprobación o no de las memorias de actividades y balance económico de la Sociedad, v) la aprobación de reuniones y otras actividades científicas promovidas por la Sociedad para el año siguiente, vi) aprobar o no las actividades de la junta Directiva.

La Junta Directiva convocará Asamblea General extraordinaria cuando así lo decida la mayoría de sus componentes, o a petición del Presidente, o de un 25% de Socios con derecho a voto. Se establece un patrimonio de la Sociedad con los activos actualmente existentes, y cuyo presupuesto anual no excederá de 50 millones de pesetas, aunque podrá ser modificado por la mayoría de los asistentes a la Asamblea General.

Los socios inscritos en el momento de aprobarse estos Estatutos conservan su antigüedad desde el momento de su admisión como Socios.

Tras la aprobación de estos estatutos la renovación de la junta Directiva se hará en su totalidad y en un plazo no superior a un año

La reunión de Barcelona aprobó estos estatutos y en la misma se decidió convocar la Asamblea General Extraordinaria, para la renovación de la Junta Directiva, el próximo año en Lleida, coincidiendo con la celebración de las XXIX Jornadas de Genética Luso-Españolas.

BOLETÍN ELECTRÓNICO DE LA SOCIEDAD ESPAÑOLA E GENÉTICA (BESEG)

En las próximas semanas se creará un Boletín Electrónico de información de la SEG (BESEG). Este boletín contendrá varias secciones. Incluirá un fichero de todos los socios de la SEG, que contendrá la dirección, teléfono, fax, correo electrónico, especialidad y cuanta información deseen los socios que sea incluida. Este boletín contendrá también los estatutos de la SEG, los artículos más interesantes que vayan apareciendo en el Boletín de la Sociedad (el de papel), así como toda la información que sobre cursos, congresos, visitas de personas ilustres, becas, puestos de trabajo, etc., nos hagáis llegar y que serán incluidos en este boletín electrónico tan pronto como se reciba la información, para su más rápida difusión. De todos dependerá, por tanto, su utilidad.

Para acceder al BESEG se podrá utilizar el protocolo GOPHER. Gopher es la forma más sencilla y eficaz de navegación electrónica en el mundo INTERNET al que están conectadas todas las universidades españolas y de la mayoría de los países, así como centros de investigación de todo el mundo, centros gubernamentales, bases de datos, etc., etc. En abril de 1992 se calculaban 14 millones de personas conectadas a

Internet, hoy puede haberse más que multiplicado por cuatro o cinco.

Si Gopher se hubiese desarrollado en California se hubiese llamado "Surfer", pero su nombre viene de la mascota de la Universidad de Minnesota y del Estado, donde fue creado (significa "ardilla de tierra"). Para acceder a este servicio electrónico, y a través de él a todos los miles de bases de datos, revistas, boletines,

Para acceder al Boletín Electrónico de la SEG (BESEG) se podrá utilizar el protocolo GOPHER a través de la red de INTERNET

etc. del ciber mundo Gopher, tienes que tener un ordenador conectado con Internet. Esto se hace normalmente a través de la conexión con el ordenador del Centro de Cálculo o similar de tu centro de trabajo, y por el que podrás tener además acceso al correo electrónico y otros muchos servicios. Al conectarte con el ordenador central de tu Universidad tendrás que usar, normalmente, el sistema UNIR que, aunque es endiabladamente complicado de llegar a conocer lo único que tienes que escribir una vez conectado es la palabra "Gopher" y . . . ya estás en el ciber mundo Gopher. A partir de aquí te podrás mover por todo el ciberespacio seleccionando simplemente una opción de cada menú numerado que te va saliendo, sin tenerte que preocupar de la dirección con la que conectas, ni dónde se encuentra físicamente el ordenador, lo que te permitirá viajar por todo el mundo a placer y sin moverte, leer revistas, copiar dibujos, sonidos, artículos, programas, ver las predicciones del tiempo de cualquier parte del mundo, tener a mano diccionarios y enciclopedias, etc. Pero si además has evolucionado hasta tener un Macintosh, existe el programa de uso gratuito TurboGopher, creado por los creadores de Gopher, con el que no necesitas entrar en el sistema UNIX del ordenador de tu centro y con el que el sistema de navegación se simplifica a tocar el icono de la carpeta que quieres abrir (los interesados podrán copiar este programa en el BESEG, requiere tener instalado TCP/Connect).

El BESEG estará físicamente en el servidor de Gopher de la Universidad de Extremadura. Puedes conectar directamente con este servidor en la dirección PIZARRO.UNEX.ES y seleccionar la entrada BESEG. Una de las primeras cosas que podrías hacer es buscar tu ficha y tras comprobar que todos los datos sean correctos enviarme un correo electrónico indicándome las modificaciones y adiciones que quieres sean incluidas. Aunque sea un servicio de la SEG está accesible a cualquier persona en todo el mundo, por lo que podrá ser una fuente de información para cualquier persona que quiera saber de los genéticos españoles.

Para cualquier consulta y para enviarme toda la información que desees incluir en este Boletín Electrónico o en este Boletín de papel que tienes en tus manos, puedes enviarme un correo electrónico a

AJIME@BA.UNEX.ES

AJIME soy yo @ y por si no lo sabes estoy en Badajoz . en la UNiversidad de EXTremadura . y esto es España.

Alfonso Jiménez Sánchez

¿HACIA UNA SACRALIZACIÓN DEL ADN HUMANO?

Juan-Ramón Lacadena

Catedrático de Genética. Departamento de Genética. Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad Complutense, Madrid

El desarrollo de la tecnología de los ácidos nucleicos a partir de la década de los setenta ha hecho tangible a los abstractos factores hereditarios mendelianos: los genes son secuencias más o menos largas que se pueden identificar y aislar de entre todo el ADN que constituye el genoma de un organismo. La enorme potencialidad de la Genética Molecular actual radica, precisamente, en la posibilidad de "tocar" los genes y, en consecuencia, manipularlos, no en el sentido peyorativo del término sino, como define nuestra Real Academia de la Lengua, en el de "operar con las manos o con cualquier instrumento".

La importancia del ADN como portador de la información genética puede conducir en el caso del ADN humano a una especie de sacralización que pueda condicionar la valoración ética de algún tipo de manipulación genética humana como pueden ser la transferencia de genes humanos a especies no humanas, la alteración del denominado "patrimonio genético humano" o las patentes de genes humanos.

1. Transferencia y utilización de genes humanos en especies no humanas

En un contexto bioético se puede hacer una valoración general sobre la introducción de genes humanos en organismos no humanos. De hecho, la situación creada por la obtención de animales transgénicos (ratón, conejo, oveja, cerdo,...) portadores de genes humanos puede presentar un matiz ético diferente en relación a las técnicas clásicas de la ingeniería genética molecular en las que, incorporando genes humanos a vectores apropiados, se introducen en células bacterianas para su posterior expresión y producción de proteínas humanas, utilizando la célula bacteriana como factoría natural.

La nueva cuestión ética que se podría plantear es si hay que valorar de forma distinta el hecho de que en la célula bacteriana se producen proteínas humanas que la bacteria no utiliza para su propio crecimiento frente a la situación de los animales transgénicos en los que el producto génico humano (por ejemplo, la hormona de crecimiento) es utilizado eficazmente por el organismo animal. ¿Es que, acaso, los genes humanos -en definitiva, un fragmento de ADN- tienen un carácter sagrado? ¿Podría plantearse asimismo la posibilidad de que

terminados genes humanos merecieran una valoración ética diferente al resto?. De hecho, hasta ahora no se ha conseguido identificar secuencias específicas del ADN humano responsables de las diferencias de la singularidad humana frente a cualquier otra especie animal.

Teniendo en cuenta el concepto biológico de especie en el que cada acervo génico forma combinaciones armoniosas resultado de una coadaptación evolutiva, algunos autores (por ejemplo, Suzuki y Kundtson, 1989) consideran que hasta que no comprendamos mejor el alcance del intercambio genético entre especies con parentesco lejano en la naturaleza, deberían considerarse las fronteras evolutivas como indicadores provisionales de zona de peligro potencial para la transferencia de genes entre especies.

2. El patrimonio genético humano

En expresiones grandilocuentes de los políticos y en declaraciones solemnes de los científicos se emplea, a veces, términos como "patrimonio genético humano" o "patrimonio genético de la humanidad". ¿Qué se puede entender por ellos?; habría que pensar que se refiere a la constitución genética esencial que caracteriza a los individuos que la poseen como pertenecientes a la especie humana, aunque, obviamente, el genoma de cada individuo sea diferente.

Cuando se utilizan expresiones tales como "inviolabilidad del patrimonio genético humano" ¿a qué se

"la secuenciación total del ADN humano es el grial de la genética humana"

está haciendo referencia, al genoma esencial y específico humano o al genoma de un individuo concreto?. Por ejemplo, la Recomendación 934 (1982) de la Asamblea del Consejo de Europa hace propuestas relativas a la aplicación de la ingeniería genética "desde el respeto al patrimonio genético de la Humanidad, no alterable en los individuos si no es por indicaciones preventivas o terapéuticas establecidas de forma clara y científica". En ocasiones posteriores, el Consejo de Europa se reafirma en "el reconocimiento a un patrimonio genético que no sea manipulado artificialmente, con la excepción de fines terapéuticos". Está claro que estas recomendaciones y planteamientos suponen una toma de posición respecto a la terapia génica que ocho años más tarde se ha hecho una realidad en el campo de la biomedicina. De cualquier manera, y sin que ello suponga un menosprecio a la naturaleza genética humana, mi impresión es que se ha sacralizado el concepto de patrimonio genético humano de una forma excesiva.

3. Patentes de genes humanos

Desde el mismo momento en que se empezó a discutir seriamente en 1986 la idea de llevar a cabo el Proyecto Genoma Humano, se levantó una fuerte polémica científica entre defensores y detractores del mismo, pudiendo destacar entre los primeros al premio

Nobel Walter Gilbert que llegó a decir que "la secuenciación total del ADN humano es el grial de la genética humana": un ejemplo más de la sacralización del ADN humano.

De forma paralela al desarrollo científico del Proyecto se están debatiendo sus implicaciones éticas y sociales y entre ellas pareció encontrar un consenso muy mayoritario en la comunidad científica la no patentabilidad de los genes humanos, argumentando que son "patrimonio de la naturaleza humana". Esta expresión parece como una manifestación colateral de la inviolabilidad (¿sacralización?) del patrimonio genético humano a que antes hacía referencia.

Desde hace mucho tiempo se vienen patentando las variedades de plantas obtenidas por los mejoradores y nadie puso reparo ético alguno; sin embargo, cuando se patentaron organismos vivos (bacterias, ratones) obtenidos por manipulación genética ya hubo cierta controversia ético-científica. Ahora que se plantea la posibilidad de patentar genes la mayoría de la comunidad científica se rasga las vestiduras.

No hace mucho tiempo (Lacadena, 1992) tuve ocasión de escribir las siguientes palabras: "No obstante, hoy por hoy, parece que todos los científicos están de acuerdo en la no patentabilidad de los genes humanos que se consideran patrimonio de la propia naturaleza humana. Sin embargo, de lo que ya no estoy tan seguro es que los intereses económicos no lleguen a modificar legalmente en el futuro la situación y criterios actuales. No olvidemos las fuertes controversias que se han producido antes de conseguirse las autorizaciones de las patentes biológicas actualmente existentes, pero que, finalmente, se han producido. De ahí mi escepticismo en este punto". Palabras proféticas: poco después de escribir el párrafo transcrito se produjo la primera solicitud para patentar genes humanos: el 20 de junio de 1991 el Dr. j. Craig Venter, de los institutos Nacionales de la Salud, Bethesda, USA, presentaba en la Oficina de Patentes de los Estados Unidos la solicitud para patentar 337 nuevos genes humanos de un solo golpe (ver Anderson, 1991). La técnica utilizada por Venter y colaboradores es muy simple: únicamente secuencian el ADN que realmente se expresa en las células humanas. Para ello sintetizan mediante transcripción inversa los "ADN copia" (ADNc) a partir de los ARN mensajeros aislados de las células humanas. Puesto que los ARNm son el producto de la expresión de genes funcionales, ello significa que cada molécula de ADNc diferente que se obtiene tiene que corresponder forzosamente a un gen funcional distinto. Una vez obtenido el ADNc se secuencia parcialmente (sólo un fragmento) mediante procedimientos automatizados, habiéndose estimado que en su laboratorio se pueden secuenciar unas 75.000 pares de bases de ADNc por día. Y esto, lógicamente, era sólo el comienzo: en Febrero de 1992, el grupo de Venter (Adams et al., 1992) identificaba la secuencia parcial de 2.375 genes que se expresan en células del cerebro humano. Estos datos, junto con los obtenidos en experiencias anteriores, les ha permitido establecer la secuencia parcial de unos

2.700 genes humanos patentables (lo que ellos llaman "etiquetas de secuencias expresadas"; es decir, fragmentos de genes funcionales) que suman en total más de 870.000 pares de bases. Obviamente la controversia científico-ético-legal estalló a partir de ese momento. No obstante, es conveniente hacer algunas matizaciones. Para que una invención biotecnológica pueda ser patentada ha de cumplir los tres criterios básicos siguientes: debe ser novedosa, debe no ser obvia y debe tener alguna utilidad. Como señalan algunos comentaristas, Venter no ha inventado ni el concepto (secuenciar el ADN) ni la tecnología automatizada y su aplicación es obvia. Sin embargo, el acierto de Venter está en la aplicación de la secuenciación a gran escala combinada con la búsqueda electrónica de tales secuencias en bases de datos de ADN, lo cual le permite generar nuevos genes humanos a una velocidad sin precedentes. Otro obstáculo -quizá el más serio que puede encontrar Venter para que acepten la patente solicitada- es que, al menos de momento, se desconoce para qué sirven los genes identificados y, por tanto, no se cumpliría el tercer requisito de cualquier patente: tener alguna utilidad concreta.

Ante la situación creada las reacciones son múltiples; por ejemplo, el grupo que trabaja en Francia en el Proyecto Genoma Humano utilizando únicamente la secuenciación de ADN copia (la misma idea conceptual en la que se ha basado Venter) amenazó con patentar sus propios resultados, mientras que otras instituciones de investigación, como el Medical Research Council de Gran Bretaña, tenían planeado dar acceso libre a su banco de datos a los científicos académicos (de universidades y centros oficiales de investigación), pero exigir una tasa de suscripción a los centros de investigación privados. Por su parte Sir Walter Bodmer, director del Imperial Cancer Research Fund de Gran Bretaña y presidente de la Human Genome Organization (HUGO), que es una asociación internacional que trata de coordinar la investigación sobre el genoma humano, declaró "estar fuertemente a favor de patentar genes humanos". Sin embargo, el premio Nobel James D. Watson, dimitió en abril de 1992 como director del Proyecto Genoma Humano en los Estados Unidos, al estar en desacuerdo con la postura de Bernadine P. Healy, directora de los NIH, sobre las patentes solicitadas por Venter.

¿Por qué interesa patentar genes humanos? ¿cuál es la razón económica?. La razón podría ser la siguiente: los investigadores o instituciones que patentaran la secuencia total o parcial de un gen determinado podrían ser acreedores de los derechos que se derivaran de tal conocimiento para la obtención de fármacos mediante el proceso de "genética inversa"; es decir, el conocimiento de la secuencia total o parcial del gen permite inferir la proteína (o una parte de ella) para la que codifica y, mediante anticuerpos monoclonales e inmunofluorescencia, determinar el lugar del organismo donde tal proteína actúa, permitiendo así contrarrestar o suplir su efecto con el fármaco adecuado. En definitiva, volvemos a encontrarnos con el dato constatado de que el hecho científico va por delante de la norma legal.

¿Y qué decir desde el punto de vista ético? ¿Realmente atenta a la dignidad humana o a la inviolabilidad del patrimonio genético de la humanidad el hecho de patentar la secuencia de bases de un gen humano? Yo me atrevería a decir que no; otra cosa sería querer patentar a un ser humano completo como se han patentado bacterias o ratones. Patentar un gen humano puede no significar más que patentar un procedimiento de obtención de ciertos fármacos; lo malo podría ser el exceso de poder económico que tuviera una institución o una empresa multinacional de ingeniería genética que acumulara las patentes de muchos miles de genes humanos. Pero esta situación no significa, ni mucho menos, que alguien pudiera decir a una persona: usted me pertenece porque yo le he patentado.

Muchos expertos no consideran ética la patentabilidad de una secuencia de ADN humano

Muchos expertos no consideran ética la patentabilidad de una secuencia de ADN humano *per se* por cuanto puede impedir el libre acceso al conocimiento de la base genética del mundo natural que es indispensable para la creatividad investigadora. Podría añadirse, además, que "la naturaleza no se inventa". Sin embargo, tales expertos consideran que la secuencia de un gen humano puede ser patentada una vez que, siendo conocida su función, pueda ser integrada en un proceso (por ejemplo, un test diagnóstico) o en un producto (medicamento).

En las discusiones que han surgido en torno a la proposición de la Directiva del Consejo de las Comunidades Europeas sobre "Protección jurídica de las invenciones biotecnológicas" (21 de octubre de 1988), que en un principio no aludía en forma alguna al ser humano, se ha pedido que, ya sea en los considerados ya sea en la normativa, los "seres humanos sean excluidos de la patentabilidad", señalándose sin embargo por algunas delegaciones de los países miembros la conveniencia de hacer una clara distinción entre las partes del ser humano que ya son patentables en la actualidad (células, genes de función conocida) y el ser humano en cuanto tal. Por otro lado, el Comité CAN-HUG, encargado de aconsejar a la Comisión de las Comunidades Europeas sobre el Proyecto Genoma Humano, acordó rechazar la iniciativa de los NIH. Sin embargo, como mencionaba antes, el Medical Research Council de Gran Bretaña parece seguir el ejemplo americano.

En el caso de las patentes de genes humanos, como en el de su transferencia a especies no humanas (animales transgénicos), puede haber una predisposición en contra más bien de tipo subjetivo, pero que, sin embargo, en una valoración ética objetiva habría que concluir -y eso sería lo fundamental- que no atenta a la dignidad de la persona humana ni a la humanidad.

Referencias

- Anderson, C. 1991. US patent application stirs up gene hunters. *Nature*, 353:485-486
- Adams, M.D.; Dubnick, M.; Kerlavage, A.R.; Moreno, R.; Kelley, J.M.; Utterback, T.R.; Nagle, J.W.; Fields, C.; Venter, J.C. 1992. Sequence identification of 2,375 human brain genes.
- Lacadena, J.R. 1992. Manipulación genética. en *Conceptos fundamentales de ética teológica*. (ed. M. Vidal), Editorial Trotta S.A., Madrid, pp. 457-492
- Suzuki, D.; Knudtson, P. 1989. *Genethics. The clash between the New Genetics and human values*, Harvard Univ. Press, 384 pp..

CURSO SOBRE "CONSERVATION AND USE OF GENETIC RESOURCES" DE LA FUNDACION JUAN MARCH

TECHNIQUES FOR GENETIC DIVERSITY EVALUATION

Marcelino Pérez de la Vega
Dpto. de Genética.
Universidad de León

During this course (Conservation and Use of Genetic Resources), among other questions a question will be arise repeatedly: what kind and amount of genetic variability should be preserved?. This question is intimately related to two other questions: How much variability is there in a species or population? and, how much of this variability is relevant?. This presentation is mainly focussed on the methods to evaluate genetic variability, and in particular on those biochemical or molecular methods to do so. Likewise, some evidence of the usefulness of the assessment of "molecular" variability will be given.

Genetic diversity within populations and within species determines the rates of adaptative evolution and the extent of response in traditional crop improvement. Natural and artificial selection choose among the variants that occur within populations, based on their adaptation to the immediate environment or their fitting to the breeder's interest. The goal for crop improvement is to agronomically fix useful genetic variants within cultivars by selective breeding. Therefore, breeders, conservationists and evolutionists are concerned with the extent and quality of genetic variability.

The traditional approach to characterization and evaluation of populations involves morphological and agronomic description. Considered as a whole, numerous morphological data are difficult to comprehend in terms of patterns of variation in populations. For this reason, numerical taxonomic techniques are needed to simplify and handle these complex patterns of variation. Traits of agronomic interest such as vigor, disease resistance and cold tolerance, and so on, are usually under high genotype environment interactions. Morphological evaluation of population variability may be supplemented and generally surpassed by a more direct study of the genome by means of the analysis of biochemical markers. These markers, in particular isozymes, have been extremely useful in improving our knowledge of the genetic composition of populations and for determining the magnitude of various evolutionary forces involved in molding the genetic architecture of plant populations. In the future, DNA polymorphism studies will be a further and definitive step in this knowledge. Biochemical markers are less affected, if any, by environmental factors and numerous data can be handled and statistically analysed in terms of patterns of genetic variation, at least those traits such as isozyme and DNA polymorphisms whose genetic control is easily understood.

Several kinds of biochemical markers have been used for the characterization of plant populations. These markers can be grouped in three classes:

1) A heterogeneous pool of biochemical compounds including phenolics, alkaloids, cyanogens and non protein amino acids, that can be designated as low molecular weight markers.

2) Proteins, including both isozymes and storage proteins.

3) DNA markers, including fragments of variable length obtained by digestion with restriction enzymes (restriction fragment length polymorphism, RFLP), DNA polymorphism shown by PCR, and base sequences.

In this presentation the techniques and the relevance of the first group of markers will only be briefly commented on. It will be devoted to describe and compare the usefulness and limitations of protein/isozyme electrophoretic techniques, still the most widely used technique in the estimation of genetic variability in plant species and populations, and the techniques to analyse DNA polymorphism whose use is increasing exponentially. In particular DNA fingerprinting by random amplified polymorphism DNA (RAPDs) is being rapidly

introduced into the method for genetic variability assessment.

References

Helentjaris T, Burr B (eds.).

Development and application of Molecular Markers to Problems in Plant Genetics. Cold Spring Harbor Laboratory Publ. Cold Spring Harbor, New York. 1989.

Innis MA, Gelfand DH, Sninsky JJ, White TJ (eds.). PCR Protocols. A guide to methods and Applications. Academic Press, San Diego, California, 1990.

DOMESTICATED ANIMALS: PROBLEMATIC IN CONSERVING BREEDS

Fernando Orozco

Dept. de Producción Animal;
Área de Mejora Genética. INIA,
Madrid

In a general review some basic principles are presented, such as: The reasons for preservation of definite populations, especially breeds, as well as the causes for the disappearance, or danger of loss, of many breeds of domestic animals. Some points concerning the concept of breed and of other sub-populations within the species, and the contrast of losing a breed compared with that of a species. Interest to preserve specific populations or genetic pools, its fundament. Difficulties to preserve animal compared with plant material. Economical and sociological problems involved in conservation. Differences between the problematic in developed or developing countries.

Technical and scientific aspects of the breeds conservation are specially treated, with the corresponding references for more ampliation if needed. Basically, it is being considered the problem of maintaining the genetic variability to prevent the deterioration of small populations and to preserve the pretended special characterization of each breed. Population size, level of inbreeding and heterozygosity, loss of specific genes, etc., are some topics of main concern.

It follows a brief review of some ways to preserve genetic material other than by maintaining live animals; cryopreservation technologies for gametes, embryos, stem cells and segments of DNA; with reference to their intrinsic limitations.

It is included a review of the most important ways or systems to carry out the conservation of populations of live animals belonging to endangered breeds. Programmes supported by public or private funds, with their advantages and disadvantages or limitations in both cases, and information drawn for their results during the last years; the more positive approach being that with programmes run by both types of support, with diverse roles played by each side. Convenience of participation of the grower sector: livestock farmers or fancier breeders associations. Type of organizations in charge of conservation programmes, at regional, national and international level, and their convenient collaboration.

Different programmes according to species, mainly in basis to their cost and management, or in basis to the animals included being "for accompaniment", "ornamental", "hobby", etc., or somehow productive.

Some examples of programmes now in action with proposals for new ones, plus comments on the actual situation of the problem are finally reported.

References

F.A.O./U.N.E.P. Publications, Rome

1975. Estudio Piloto sobre Conservación de Recursos Genéticos Animales.

1983. Animal Genetic Resources Information. Bull. 1.

1985. Animal Genetic Resources Information. Bull. 4.

1986. Animal Genetic Resources Information. Bull. 5.

1991. Animal Genetic Resources Information. Bull. 8.

1992. Animal Genetic Resources Information. Bull. 9.

F.A.O. Animal Genetic Resources. Animal Production and Health Papers. Rome.

1984. Conservation by management, data banks and training; paper 80

1984. Cryogenic storage of germplasm and molecular engineering; paper 44/2

1990. A global programme for sustainable development; paper 80.

Genetic conservation of Domestic livestock, CAB International. Wallingford. U.K.

Vol I. 1990. Edit L. Alderson.

Vol II. 1990. Edit L. Alderson, and I. Bodó.

Proceedings of World Congresses on Genetics Applied to Livestock Production.

1st Congress. 1974. Round Table on "The Conservation of Animal Genetic Resources". Vol 111 pp. 13-93. Madrid, Spain.

2nd Congress. 1982. Round Table on "Breeds Conservation". Vol VI, pp. 73-135. Madrid, Spain.

3rd Congress. 1986. Round Table and Symposium on "Preservation and Management on Genetic Resources". Vol XII, pp. 471-500 and 503-534. Lincoln, Nebraska, USA.

4th Congress. 1990. Workshop & Contributed Papers on "Conservation of Genetic Resources". Vol XIV, pp. 423-472 and 475-499. Edinburgh, U.K.

J.N.B. Shrestha (edit.). 1992. Proceedings of the First National Workshop in Conservation of Animal Germplasm. Agriculture Canada. Ottawa, Canada.

PRESENTAMOS A...

DEPARTAMENTO DE GENÉTICA DE LA UNIVERSIDAD DE CÓRDOBA

GRUPO DE TOXICOLOGÍA GENÉTICA

Responsable **Carmen Pueyo** (Catedrática)

Miembros que participan

Encarnación Alejandre (Titular)
Concepción de la Hera (Titular)
Nieves Abril (Becaria Postdoctoral)
Juan Jurado (Becario Postdoctoral)
María José Prieto (Becaria Postdoctoral)
Felisa María Díaz (Becaria)
Mercedes Cousinou (Becaria)
Francisco Ferrezuelo (Becario)
Julia Ruiz (Becaria)
Francisco López (Becario)
Antonio Miranda (Becario)
Antonio Vida (Becario)
María Dolores Mesa (Becaria FP2)
Javier Cosano (Becario Alumno)

Línea(s) de trabajo

Mecanismos de mutagénesis y reparación del ADN: el estrés oxidativo, los agentes alquilantes y los sistemas tiorredoxina y glutarredoxina.

Espectrometría mutacional mediante secuenciación de blancos genéticos en cromosomas, plásmidos F⁺ y vectores lanzaderas.

Bioindicadores genéticos de contaminación ambiental en ecosistemas marinos.

Proyectos en curso con financiación específica

CEE EV5V-CT 91-0012 Molecular dosimetry of chemical mutagens

DGICYT PB91-0846 Espectrometría mutacional de agentes alquilantes. Comparación de la selección fenotípica con la mutagénesis en sitios de restricción

DGICYT SAL91-0842-CE Base molecular de la acción genotóxica de agentes alquilantes

Junta de Andalucía (consolidación de grupos de investigación) Desarrollo y aplicación de ensayos genotóxicos

Junta de Andalucía (Convenio de Cooperación) Desarrollo de nuevos métodos bioquímicos y genéticos de evaluación de estrés derivados de la contaminación o de las condiciones de cultivo en especies marinas de interés acuícola.

CEE EVSV-CT92-0027 Development and validation of bacterial systems as representative of molecular

mutation spectra induced in mammalian cells by chemical carcinogens

DGICYT AMB93-0628-C02-02 Bioindicadores genéticos de contaminación ambiental en ecosistemas marinos

CEE DNA Repair Network DNA repair and cancer

Publicaciones más relevantes de los tres últimos años (máximo tres)

Krause, G., Lundström, J., López-Barea, J., Pueyo, C., Holmgren, A. Mimicking the active site of protein disulfide-isomerase by substitution of proline-34 in *Escherichia coli* thioredoxin. *Journal of Biological Chemistry* 266: 9494-9500, 1991

Rodríguez-Ariza, A., Abril, N., Navas, J.I., Durado, G., López-Barea, J., Pueyo, C. Metal, mutagenicity and biochemical studies on bivalve molluscs from Spanish coasts. *Environmental and Molecular Mutagenesis* 19: 112-124, 1992

Prieto-Alamo, M.J., Abril, N., Pueyo, C. Mutagenesis in *Escherichia coli* K-12 mutants defective in superoxide dismutase or catalase. *Carcinogenesis* 14: 237-244, 1993

GRUPO DE INGENIERIA GENÉTICA EN HONGOS FILAMENTOSOS

Responsable: **Mil Isabel González Roncero** (Titular)

Miembros que participan:

Manuel Ruiz Rubio (Titular)
Antonio Di Pietro (Becario Postdoctoral)
Nuria Anaya (Becaria)
M^a Dolores García Pedrajas (Becaria)
M^a Dolores González Huertas (Colaboradora)
M^a Carmen Ruiz Roldán (Colaboradora)

Línea(s) de trabajo

Desarrollo de sistemas de transformación genética en hongos filamentosos.

Análisis molecular del mecanismo de patogénesis en *Fusarium oxysporum*.

Retrotrasposones en *Fusarium oxysporum*.

Proyectos en curso con financiación específica

DGICYT-BIO 90-0065 Elementos genéticos móviles y elementos extracromosómicos en hongos fila-

mentosos de interés industrial y agronómico (1990-93).

DGICYT-BIO 093-0923-C02-1 Análisis genético molecular de *Fusarium oxysporum*: Aplicación al estudio de los mecanismos de patogénesis (1994-96)

CEE- HMC (Network) ERB4050PL92241 5 Molecular genetics of Fungal plant pathogens: perspectives for molecular breeding of disease resistant plants (1994-95).

Publicaciones más relevantes de los tres últimos años (máximo tres)

Anaya, N. y Roncero, MIG (1991). Transformation of a methionine auxotrophic mutant of *Mucor circinelloides* by direct cloning of the corresponding gene. *Mol. Gen. Genet.* **230**: 449-455.

Ruiz Rubio, M (1993) "Mechanism of induced mutagenesis by ultraviolet light in *E. coli*". *Advances in Mutagenesis Research* **4**: 88-114 Springer Verlag.

Di Pietro, A. Lorito, M. Hayes, CK, Broadway, R. y Harman, GE. (1993) "Endochitinase from *Gliocladium virens*: Isolation, characterization and synergistic antifungal activity in combination with Gliotoxin". *Phytopathology* **83**: 308-313.

GRUPO TÉCNICAS ESPECIALES DE MEJORA GENÉTICA VEGETAL

Responsable **Antonio Martín Muñoz** (Prof. investigación del CSIC)

Miembros que participan

Luis Miguel Martín Martín (Titular)
Adoración Cabrera Caballero (Titular)
Diego Rubiales Olmedo (Colaborador CSIC)
Juan J. Ballesteros Ruiz (Titulado Sup. especializado del CSIC)
Juan Bta. Alvarez Cabello (Becario)
Antonio L. Canalejo Raya (Becario)
Josefa M. Rubio Moreno (Becaria)
Mª Nieves Tobes Terán (Becaria)
Mª Carmen Palomino Sánchez (Becaria)
Mª José Giménez Alvear (Becaria)
Ana Mª Castro de Ardenghi (Becaria)
Pilar Hernández Molina (Becaria)
Olenca Mª Furtado Mikusinski (Becaria)
Libor Janecka (Becario)
Carmen Ramírez Alcántara (Becaria)

Línea(s) de trabajo

Mejora genética vegetal de cereales.

Cultivo *in vitro*.

Citogenética de cereales y leguminosas.

Mapeo cromosómico.

Proyectos en curso con financiación específica

CEE. BIOT-CT90-0160. Regeneration. Factors regulating growth and differentiation of plant cells.

CICYT AGR91-0884. Mejora genética de la calidad de anfiploides *Hordeum x Triticum*.

CICYT AGF92-0184. Mejora genética del tritordeo.

CICYT AGF92-0999. Obtención de haploides *in vitro* como método de mejora de tritordeo y *Vicia faba*.

Publicaciones más relevantes en los tres últimos años (máximo tres)

Cabrera, A. and Martín, A. Cytology and morphology of the amphiploid *Hordeum chilense* (4X) x *Aegilops squarrosa* (4x). *Theoretical and Applied Genetics* **81**:758-760. (1991).

Rubiales, D. and Nicks, R.E. Low appressorium formation by rust fungi on *Hordeum chilense* lines. *Phytopathology* **82**: 1007-1012. (1992).

A.M. Torres, N.F. Weeden, and A. Martín. Linkage among isozyme, RFLP and RAPD markers in *Vicia faba*. *Theor Appl. Genet* **85**: 937-945. (1993).

GRUPO DE MEJORA GENÉTICA VEGETAL

Responsable **José-Ignacio Cubero Salmerón** (Catedrático)

Miembros que participan

Mª Teresa Moreno Yangüela (Funcionaria CIDA)
Juan Gil Ligero (Titular)
Antonio de Haro Bajlon (Colaborador CSIC)
Ma Josefa Suso Llamas (Colaboradora CSIC)
Teresa Millán Valenzuela (Prof. Ayudante)
Ana Ma Torres Romero (Funcionaria Interina CIDA)
Fernando Flores Gil (Funcionario Interino CIDA)
Ma Dolores Fernández Romero (Becaria)
Diego Luna Moyano (Becario)
Elie Najib El Hajj Moussa (Becario)
Zlatko Satovic (Becario)
Francisco L. Mondragao Rodríguez (Becario)
Amparo Martínez Martínez (Funcionaria CIDA)

Línea(s) de trabajo

Utilización de técnicas de biología molecular y de cultivo de tejidos en Mejora.

Estudio del sistema reproductivo de *Vicia faba*.

Obtención de variedades resistentes a enfermedades en *V. faba* y *C. arietinum*.

Estudios sobre nuevos métodos de Mejora y nuevos tipos morfológicos.

Proyectos en curso con financiación específica

CEE, ECLAIR AGRE-CT 90-051. Mejora Genética y agronómica de *Cicer arietinum*.

CEE, CAMAR 8001-CT 91-0117. Crop diversification through the combination of zero

CICYT AGF 92-1003. Mapeo en *Vicia faba* y *Cicer arietinum*.

CICYT-0999. Obtención de haploides *in vitro*.

JUNTA DE ANDALUCÍA, CA-92-16. Variabilidad del guisante proteaginoso.

INIA, SC 93-978. Mejora genética de habas y garbanzos.

Publicaciones más relevantes de los tres últimos años (máximo tres)

Jiménez, M.D., Cubero, J.I., Haro, A. de. Genetics and environmental variability in protein, oil and fatty acid composition in high alkaloid white lupin (*Lupinus albus*). *Journal of Science of Food and Agriculture* **55**: 27-35. (1991).

Torres, A.M., Weeden, N.F. and Martín, A. Linkage among isozyme, RFLP and RAPD markers in *Vicia faba*. *Theoretical and Applied Genetics* **85**: 937-945. (1993).

Torres, A., Millán, t., Cubero, J.I. Identifying of Rose cultivars using Random Amplified Polimorphic DNA (RAPD) markers. *HortScience* **28**: 333-334. (1993).

GRUPO DE GENÉTICA EVOLUTIVA

Responsable **Manuel Barbancho Medina** (Titular U.) (Actualmente en el Grupo de Inmunogenética)

Miembros que participan

Juan Fernando Martínez Leal (Licenciado) (Actualmente Ayudante Dpto. Bioquímica y Biología Molecular)

Línea(s) de trabajo

Aspectos genéticos y fisiológicos de la detoxificación de alcoholes en *D. melanogaster*.

Publicaciones más relevantes de los tres últimos años (Máximo tres)

Barbancho, M. Effects of dietary ethanol, acetaldehyde, 2-propanol and acetone on the variation of several enzymes involved in alcohol metabolism of *Drosophila melanogaster*. *Insect Biochem. Molec. Biol.*, **22/3**, 269-276 (1992).

Leal, J.F.M., y Barbancho, M. Acetaldehyde detoxification mechanism in *Drosophila melanogaster* adults involving aldehyde dehydrogenase (ALDH) and alcohol dehydrogenase (ADH) enzymes. *Insect Biochem. Molec. Biol.*, **22/8**, 885-892 (1992).

Leal, J.F.M. y Barbancho, M. Aldehyde dehydrogenase (ALDH) activity in *Drosophila melanogaster* adults: Evidence for cytosolic localization. *Insect Biochem. Molec. Biol.*, **23/8**, 543-547 (1993).

GRUPO DE MARCADORES GENÉTICOS MOLECULARES EN ANIMALES DOMÉSTICOS. RESISTENCIA GENÉTICA Y BIODIVERSIDAD.

Responsable **Diego Llanes Ruiz** (Titular)

Miembros que participan

Luis Morera Sanz (Titular)
Damián Fermín de Andrés Cara (Colaborador Científico CSIC)

Angela Moreno López (Colaborador Científico CSIC)

Manuel Barbancho Medina (Titular)

Juan José Garrido Pavón (Becario)

C. Oscar Pintado Sanjuán (Becario)

José Luis Vega Pla (Capitán Veterinario)

Maria Friend O'Callaghan (Ayudante de Investigación)

José M. Pérez de la Lastra Pérez de la Lastra (Becario)

Antonio González Martínez (Cuerpo Superior Facultativo. SAS)

Ana Mateo Rosell (Becaria)

M^a de los Reyes Alvarez Muñoz (Ayudante de Investigación)

Vicente Osuna Almazán (Personal subalterno del CSIC)

Línea(s) de trabajo

Análisis y caracterización de receptores leucocitarios porcinos relacionados con la peste porcina africana.

Variabilidad genética y enfermedad. Análisis y caracterización de genes implicados en los procesos de resistencia genética.

Variabilidad genómica y su aplicación en la conservación de la diversidad genética.

Proyectos en curso con financiación específica

BIO 1000/92. CICYT Caracterización del componente del virus de la peste porcina africana (VPPA) implicado en la reacción de hemadsorción.

DGCICYT. Complejo mayor de histocompatibilidad en animales domésticos (oveja, cabras, caballos)

Publicaciones más relevantes en los tres últimos años (Máximo tres)

Chardon, M. Nuñez, F. Dezeure, D.F. de Andrés Cara and M. Vaiman. Mapping and Genetic Organization of the *TNF* genes in the swine MHC. *Inmunogenetics*. **34**(4): 257-260 (1991).

A. González, L. Morera, P. Vogeli y D. Llanes. Mouse monoclonal antibodies to swine blood group antigens. *Animal Genetics*. **23**: 469-473 (1992).

T.C. Nguyen, L. Morera, D. Llanes y P. Leger. Sheep blood polymorphism and genetic divergence between French Rambouillet and Spanish Merino: role of genetic drift. *Animal Genetics*. **23**: 332-352 (1992).

GRUPO DE INMUNOGENÉTICA DE ANIMALES DOMÉSTICOS

Responsable **Antonio Rodero Franganillo** (Catedrático)

Miembros que participan

Miguel Moreno Millán (Titular Interino)

Manuel R. de la Haba Giraldo (Titular Interino)

Juan Vicente Delgado Bermejo (Titular Interino)

Antonio Molina Alcalá (Ayudante)
Mª Esperanza Camacho Vallejo (Funcionario J. Andalucía)
Mercedes Valera Córdoba (Becaria)
Jesús Ocaña Quero (Becario)
Clara E. Sánchez González (Doctoranda)
Gertrud Engelhardt (Prof. Visitante)
José R. Lobillo Eguíbar (Becario)
José Mª Jiménez Fernández (Funcionario Diputación Cádiz)
Antonio Bolancé Béurno (Personal laboral)

Línea(s) de trabajo

Caracterización inmunogenética de razas autóctonas en peligro de extinción.

Mejora del ganado vacuno de carne y cabra canaria.

Citogenética aplicada.

Proyectos en curso con financiación específica

CICYT. Estimación insesgada de parámetros genéticos y determinación de alteraciones cromosómicas para una correcta selección de ganado vacuno Retinto.

Diputación Provincial de Cádiz Mejora genética de

ganado vacuno Retinto y Merino de Grazalema.

M.A.P.A. Servicio de determinación de Diagnóstico citogenético.

I.N.I.A. Programa integral de mejora de ganado vacuno de raza Retinta.

I.N.I.A. Desarrollo de las bases para la organización de un plan de mejora de la producción láctea en la Agrupación Caprina Canaria.

Publicaciones más relevantes de los tres últimos años (máximo tres)

M.R. de la Haba, A. Moreno y L. Morera. Erythrocyte GSH, hemoglobin and potassium concentrations during the postnatal period in Granadina goats. *Small Ruminant Research*. **4**: 189-196 (1991).

M. Moreno Millán, A. Rodero, F. J. Alonso y A. Sanz. First report of cytogenetics studies in Spanish breed horses. *Genetic Selection Evolution*. **23**: 176-178 (1991).

E. Rodero, J.V. Delgado, M.E. Camacho y A. Rodero. Study of the Andalusian Minor Breeds. Evaluation of the priorities of conservation. *AGRI (FAO)* **10**: 41-51 (1992).

EL TRABAJO DE CAMPO COMO PRÁCTICA DE GENÉTICA

Nuno Henriques-Gil, Cecilia González y Carmen Garma

Laboratorio de Genética Centro de Enseñanza Superior San Pablo CEU Montepríncipe, Boadilla del Monte 28660 Madrid

En las primeras clases del curso de Genética es habitual hacer una referencia a su posición central entre las Ciencias Biológicas y a su continuidad con disciplinas tan diversas como la Bioquímica o la Citología hasta una Botánica, Zoología o una Biología de poblaciones, por citar algunos ejemplos. No obstante, el programa práctico suele restringirse a experimentos y observaciones de laboratorio, quizá por las dificultades y el tiempo necesarios para una práctica de Genética de campo.

Ciertamente todos recordamos la elaboración de un herbario como punto obligado en la asignatura de Botánica. Quizá no tan frecuente sea la recolección de animales para un "bichario" de Zoología. Cualquiera de los casos es de gran utilidad para el alumno que es llevado a fijar su atención en aspectos del mundo natural que hasta entonces le pasaban desapercibidos.

¿Puede hacerse una experiencia docente paralela en Genética?

De los taxónomos tradicionales a menudo nos preocupa la desmesurada importancia concedida a los prototipos ignorando aquello que, a los que nos dedicamos a la Genética, nos parece fundamental: la variación dentro de las especies.

Siguiendo esta idea, durante los dos últimos cursos hemos pedido - con carácter obligatorio a nuestros alumnos de 3º de Biológicas - un trabajo de campo basado en una prueba de variabilidad intraespecífica.

Este trabajo, con título "Variabilidad para [carácter] en [especie]", debía desarrollarse en los siguientes puntos:

1) Especie. Con una determinación taxonómica inequívoca y justificada del material empleado.

2) Carácter. Definición. Se admitía cualquier tipo de variación sea continua o cualitativa y desde rasgos puramente morfológicos hasta moleculares.

La práctica totalidad de caracteres elegidos fueron puramente morfológicos con un predominio de rasgos cualitativos

3) Variantes. Su descripción y presentación de ejemplares en perfecto estado de conservación según la metodología botánica o zoológica. Si esto no fuera práctico, como alternativa se admitían pruebas fotográficas.

4) Población. Qué población se ha estudiado y cuál el porcentaje de cada fenotipo.

5) Modelo genético. Como complemento al trabajo, el alumno debería idear una posible base genética para tal variabilidad y diseñar los experimentos necesarios para demostrarla.

Cuatro, seis, una docena de páginas como mucho, son más que suficientes para una presentación adecuada (siempre hay alguna excepción: una alumna entregó 127 páginas sobre el pelaje de los gatos). Se valoró el desarrollo de los puntos anteriores y la originalidad del tema elegido.

Los temas se ajustaron al esquema pretendido, con la excepción en una enfermedad genética humana rara que no puede considerarse auténtica variabilidad pero que tuvo que ser admitida por el empeño de su autora. Algunos pensaron inmediatamente en algo pero a la mayoría le fueron surgiendo ideas diversas a medida que avanzaba el programa y, sobre todo, durante las excursiones al campo que habitualmente realizan.

El abanico de preferencias resultó bastante amplio con los temas repartidos por grupos de organismos muy diversos. En lo que al reino animal se refiere, hubo varios ejemplos con invertebrados, algún vertebrado salvaje, un gran

número de animales domésticos e incluso tres trabajos sobre ciertos rasgos humanos. Entre los vegetales se estudiaron plantas cultiva-

El abanico de preferencias resultó bastante amplio con los temas repartidos por grupos de organismos muy diversos

das -como el guisante, que no podía faltar en Genética- aunque la mayoría optó por especies silvestres. Finalmente, algunos alumnos aprovecharon trabajos de microbiología efectuados por ellos mismos en prácticas, encontrando variaciones metabólicas entre cepas de *Staphylococcus* y *Pseudomonas*. Como dato más curioso, apareció un trabajo en *Rhynchonella tetraedra*, un braquiópodo fósil del Jurásico en el que, con el asesoramiento del profesor de Geología, se estudió la relación entre ejes así como el número de estrías de la concha.

La práctica totalidad de caracteres elegidos fueron puramente morfológicos con un predominio de rasgos cualitativos, sobre todo de color; características biométricas, como el número de semillas por vaina o de foliolos por hoja, también aparecieron en un buen número de casos.

Es cierto que a veces la exactitud de las variantes fenotípicas descritas era bastante discutible pero nos encontramos varios ejemplos muy bonitos -como siempre lo es el patrón de bandas del caracol *Cepaea nemoralis*- y otros a los que se añade un gran valor didáctico por tratarse de especies comunes y de variaciones fenotípicas muy vistosas que quizá puedan ser más explotados en futuros ensayos. Destacaríamos la vulneraria (*Anthyllis vulneraria*), en la que no solamente los pétalos pueden ser de varios colores sino que aparecen entre 6 y 8 flores por umbela, según el individuo; el fruto de *Medicago orbicularis*,

otra leguminosa, presenta un enrollamiento espiral con longitud variable, curioso por su variación cualitativa al existir fenotipos con 3, 4 ó 5 vueltas completas. Son también buenos ejemplos, el número de flores en *Narcissus* y las variaciones en el color de los peces guppys, plumas de periquitos, cabeza de la cucaracha, o de las lígulas de la omnipresente margarita menor o chirivita (*Bellis perennis*).

Más problemas surgieron a la hora de idear un contraste del modelo genético. Habíamos hecho hincapié en que el modelo no tenía por qué ser correcto sino únicamente compatible con los datos recogidos; es decir, un locus bialélico puede explicar dos o tres fenotipos alternativos pero no siete.

Un alumno que haya resuelto unos cuantos problemas clásicos de mendelismo o de Genética cuantitativa fácilmente establece qué debería cruzar o qué selección es más recomendable, así como lo que espera obtener si su modelo fuera correcto. Comprobar un desarrollo coherente por la mayoría es reconfortante, sin embargo hay que lamentar que algunos aseguraban demostrar su modelo ya que las proporciones mendelianas o de alguna epistasia se ajustaban ¡a las frecuencias fenotípicas en la población!. Como compensación a tales fracasos hubo quien pasara de la teoría a la práctica: un alumno llegó a realizar un par de cruzamientos con sus peces de colores y una alumna analizó una docena de gazapos de diferente pelaje repartidos en una genealogía de tres generaciones.

Resumiendo, en primer lugar observamos que esta labor docente fue bien acogida por el alumnado. Posiblemente por haberlo comunicado apenas tras un mes de clase (deberían tener tiempo para pensarlo y oportunidades suficientes para realizarlo), hubo un ligero desconcierto inicial que llevó a que alguien preguntara si "aquello iba en serio", pero posteriormente tuvimos el gusto de comprobar el empeño y seriedad que casi todos demostraron. Por otra parte, creemos que al concluir el trabajo eran más conscientes de la variabilidad, considerando por ello que se trató de una experiencia muy positiva.

BLOC DE NOTAS

CONGRESOS

Evaluation and Exploitation of Genetic Resources-Pre-Breeding Genetic Resources Section Meeting of Eucarpia

Clermont Ferrand, Francia, 15-18 Marzo 1994
Secretariat du Colloque. Mme Veyssi re
Station d'Amelioration des Plantes
I.N.R.A.- G.EN.E.S., Plant Breeding Station
Domanine de Crouelle, F-63039 ClermontFerrand
Cedex 02 (France)

Genes and Chromosomes

Swansea, UK, 28-31 Marzo 1994
The Genetical Society (UK) y Federation European
Genetical Societies (FEES).
Dr Paul Dyson. University College of Swansea,
School of Biological Sciences, Singleton Park, Swan-
sea SA2 8PP (UK) Tel: 44.792.295361, Fax:
44.792.295447.

26th Annual Meeting European Society of Human Genetics

Paris, 2-5 junio 1994
Convergences-ESHG '94, 120 avenue Gambetta,
75020 Paris (France) Fax: 33.1.40310165.

3rd International Triticale Symposium

Lisboa, Portugal, 13-16 junio 1994
Prof Henrique Guedes-Pinto
Theoretical and Applied Genetics Division
University of Tras-os-Montes and Alto Douro
(Portugal)
Ap. 202, 5001 Vila Real Codex
Fax: 3 51.5 9.74480

Aneuploids for Genetical Analysis and Molecular Techniques

9th Meeting of the European Wheat Aneuploidy
Cooperative (EWAC)
Gatersleben-Wernigerode, Germany, 4-8 julio
1994
Dr. A B rner, Institute for Plant Genetics and
Crop Plant Research,
Gatersleben, D-06466, Germany.
Fax: 49.039482280

XXIX Jornadas Luso-Espa olas de Gen tica

L rida, 6-8 de octubre de 1994.
Temas:

1. Gen tica Molecular y aplicaciones. Ingenier a Gen tica
2. Inmunogen tica
3. Gen tica del Desarrollo
4. Mejora Gen tica Vegetal
5. Mejora Gen tica Animal
6. Gen tica de Poblaciones y Evoluci n
7. Citogen tica
8. Gen tica Humana
9. Ense anza de la Gen tica
10. Otros

Secretar a:
Centro UdL-IRTA
Alcalde Rovira Roure, 177. 25006 Lleida
Tel fono 973-702570, 245762
Fax 973-238301.

INSTRUCCIONES PARA LAS COLABORACIONES

Todas las colaboraciones cuya extensi n sea superior a **200 palabras**, deber n enviarse en disco de 3,5 pulgadas o por correo electr nico a **Alfonso Jim nez S nchez, Dpto. de Gen tica, Facultad de Ciencias, Universidad de Extremadura, 06080 Badajoz. Tlfno. y fax 924-274657, Correo electr nico AJIME@BA.UNEX.ES**

Puedes colaborar en este Bolet n enviando cualquier escrito comentando cualquier cosa que te interese, dando tu opini n sobre cualquier tema relacionado con la Gen tica, con la SEG, con la Universidad, planes de estudio, proyectos, oposiciones, y

cualquier cosa que creas puede interesar a la mayor a. Sobre todo nos interesa conocer pronto las convocatorias de plazas, becas, puestos de trabajo, congresos, reuniones. Si tienes alg n invitado ilustre que podr a ser invitado por otros, ind canoslo lo antes posible. Toda la informaci n que incluya fechas de celebraci n ser n incluidas, adem s, en el Bolet n Electr nico para su acceso m s r pido.

Siempre ser n muy bien recibidas las informaci nes sobre nuevas t cnicas y sus aplicaciones, trucos nuevos sobre t cnicas viejas, nuevas ideas sobre pr cticas sencillas que impartir en los centros docentes, etc.

SOCIEDAD ESPAÑOLA DE GENÉTICA

Para pertenecer a la **Sociedad Española de Genética** enviar el siguiente impreso a

Sociedad Española de Genética
Dpto. Biología Celular y Genética
Universidad de Alcalá de Henares
Campus Universitario
28871 Alcalá de Henares (Madrid)

Para cualquier consulta:

Tfno 91-8890400 ext 2024 y 2034. Fax 91-8890667.

La SEG distingue entre Socio Numerario y Socio Correspondiente. El artículo 8 de los Estatutos de La SEG indica que *podrán ser socios numerarios aquellos científicos que hayan realizado y publicado investigaciones originales e el campo de la Genética*. El artículo 11 indica *Podrán ser socios correspondientes toda persona que de alguna manera esté relacionada con la Genética*. En el caso de que desee pertenecer como socio numerario, indique las referencias de hasta un máximo de tres trabajos publicados.

Título (Prf., D.r, Lcdo., Ing.) _____ **Plaza/contrato que ocupa** _____
Apellidos y nombre _____

Dirección

Departamento _____

Centro _____

Organismo _____

Calle, plaza _____

Ciudad, C.P. _____

Teléfono _____ **Fax** _____

AFILIACIÓN (máximo de dos)

Universidad

Hospital

Organismo público de investigación

Organismo privado de investigación

Empresa privada

Otro (indicar)

FUNCIÓN PROFESIONAL

Profesor

Investigador

Médico

Otro (indicar)

AREA DE ESPECIALIDAD (máximo cinco)

Plantas

Genética Molecular

Mutagénesis

Citogenética

Mejora

Biotecnología

Poblaciones y evolutiva

Desarrollo

Genética Bioquímica

Cuantitativa

Otro (indicar)

Microorganismos

Genética Molecular

Mutagénesis

Genética Bioquímica

Biotecnología

Poblaciones y evolutiva

Desarrollo

Otro (indicar)

Animales

Genética Molecular

Mutagénesis

Citogenética

Mejora

Biotecnología

Poblaciones y evolutiva

Desarrollo

Cuantitativa

Comportamiento

Otro (indicar)

Hombre

Genética Molecular

Mutagénesis

Citogenética

Biotecnología

Poblaciones y evolutiva

Desarrollo

Genética Bioquímica

Cuantitativa

Genética Médica

Otro (indicar)