



BOLETÍN DE LA SOCIEDAD ESPAÑOLA DE GENÉTICA

NUMERO 6 · DICIEMBRE 1994

ÍNDICE

- Editorial
- Lección 4
J. Moreno González
- La Genética en Medicina
José Luis Mensúa
- ¿Muerte por éxito?
Nicolás Jouve
- Ciclo celular en las
jornadas
Martí Aldea
- J. Oro en las Jornadas
Enric Herrero y Joan Fibla
- Resumen B. V. Ford-Lloyd
- Resumen R. V. Allard
- Presentamos a... Granada
- Vídeo-prácticas
Nicolás Jouve
- Cartas al Editor
- 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

Nicolás Jouve

Está a punto de cumplirse el turno de cuatro años de gestión de la actual junta de Gobierno de la SEG y en consecuencia su relevo, por lo que creemos es el momento de hacer un balance de los resultados obtenidos. Se trata entre otras cosas de reafirmar algo tan elemental como la propia conveniencia de una Sociedad como la nuestra, con fines puramente profesionales y científicos, y que puede y debe ser un instrumento muy útil de promoción individual y de la especialidad en la sociedad española.

Naturalmente todo análisis de resultados es siempre relativo, y en este caso el balance del presente debe medirse con relación a tres tipos de referencias: la situación de partida, los objetivos que se propusieron y el grado de participación y respuesta por parte de los socios. En el análisis que sigue contemplaremos fundamentalmente estos tres aspectos, si bien vaya por delante un comentario sobre lo difícil de la tarea de renovar la Sociedad sin contar sobre todo con el apoyo de los socios, que en cualquier caso debían suponer el mejor estímulo cuando se trata de hacer un servicio de carácter altruista.

No pretendemos tanto enjuiciar una labor, lo que podría acarrear cierta falta de objetividad por nuestra parte, como de analizar una etapa que se pretendía de revitalización de la Sociedad. Al menos este era el principal objetivo que nos propusimos desarrollar la æ-

tual junta de Gobierno. Es obvio que para que este objetivo se cumpliera lo primero que había que averiguar era hasta qué punto era un deseo compartido por los socios registrados en el libro de Actas de la Sociedad a finales de 1990, y de muchos de los cuales no teníamos ni siquiera constancia de su dirección actual.

La S.E.G. ha crecido en número de socios en los últimos cuatro años a un ritmo mayor que en los dieciocho años anteriores

Por lo tanto, el primer punto a destacar en la comparación que tratamos de establecer sobre el antes (finales de 1990) y el después (finales de 1994), se refiere a la propia composición de los Socios. Aquí tenemos que hacer notar un hecho que nos parece fundamental para juzgar el camino recorrido. La SEG ha crecido en número de socios en los últimos cuatro años a un ritmo mayor que en los dieciocho años anteriores. Con un gran impulso en el primer año de esta etapa reciente (1991), y más sostenido durante los 3 últimos años. Así, notamos un paso de 285 socios a finales de 1990 a 401 al

día de la fecha (Noviembre de 1994). Sin embargo, uno de los compromisos de la actual Junta era clarificar el grado de interés y de participación de los socios, y lo uno o lo otro se manifestó en cuanto se recabaron los datos profesionales, o información, o simplemente se pretendió regularizar el cobro de cuotas. Dejando a un lado los motivos, el caso es que de los 401 socios, techo máximo en cuanto a solicitud de pertenencia a la SEG desde sus comienzos en 1972, nos quedamos con 290 socios regulares en la actualidad (finales de 1994), al corriente de pago y con demostrada voluntad de interés hacia la SEG. También es necesario indicar que de los 111 socios que hemos perdido, 107 lo eran desde antes de 1990, y muchos de los más antiguos ha sido imposible su localización actual, por cambios geográficos o de actividad profesional. Creemos necesario indicar que de los 111 socios cesantes hay bastantes casos de cambios de especialidad, campo de trabajo o área de conocimiento, jubilaciones y varios casos lamentables de fallecimiento. Los que no entran dentro de estos conceptos, socios antiguos de los que no recibimos noticias a pesar de nuestra insistencia, han quedado en suspenso por incorrientes de pago, o simplemente porque interpretamos que su silencio obedece a una falta de voluntad de continuar perteneciendo a la Sociedad. En cumplimiento de los Estatutos estos socios quedan dados de baja transcurridos dos años en la situación indicada.

También hay que tener en cuenta que la Sociedad carecía de un archivo adecuado de direcciones y de campos de especialidad, y que se habían dejado de cobrar las cuotas desde hacía varios años, antes del momento en que empezó a rodar la actual Junta. Era tarea prioritaria el solucionar esta situación para que la Sociedad adquiriese un cuerpo sólido que le permitiese reiniciar un mínimo de actividades. Si alguien juzga que se ha pecado en exceso de insis-

tencia en estos asuntos, que piense que se trataba de sentar una base firme sobre arenas movedizas. Se trataba de una tarea insidiosa y poco agradable, pero necesaria para sanear la Sociedad. No nos lamentaremos más por el tiempo dedicado a estos menesteres, que en cualquier caso juzgamos como una inversión de cara al futuro.

En líneas generales podemos considerar que si atendemos a la composición actual de la Sociedad, ésta se ha transformado y en cierto modo rejuvenecido, ya que casi más de la tercera parte de los socios regulares actuales (116/290) han solicitado su ingreso en la SEG en los últimos cuatro años. En el Número 2 de este Boletín se publicó un editorial sobre el status de la SEG en 1991. En la nueva edición del Directorio de la SEG que se ha confeccionado paralelamente a este número del Boletín se

En líneas generales podemos considerar que si atendemos a la composición actual de la Sociedad, ésta se ha transformado y en cierto modo rejuvenecido

registrará el estado presente en Noviembre de 1994. Si, como decíamos entonces, la Sociedad podría ser un reflejo de la Genética que se hace hoy en España, el análisis del momento presente indica ciertas tendencias en la distribución por especialidades, tipos de organismos en que se investiga y centros de investigación dentro de nuestro campo. En el corto tiempo que media entre Enero de 1991 y Noviembre de 1994 apreciamos algunos cambios en la composición relativa de la Sociedad en cuanto a los perfiles de los socios. Siguen siendo la especialidad más representada la Genética Molecular (198), que ahora sobrepasa a la Citogenética (132), Mejora (113) y Genética de Poblaciones (109). Las especialidades que han crecido más en este período han sido la Genética del

Desarrollo, que pasa de 21 a 32, y la Genética Clínica, que pasa de 37 socios a 52 socios. Es muy significativo y afortunado este incremento en Genética Humana, dado su importancia profesional y la existencia de otras sociedades nacionales en esta especialidad. Creemos que ello es además un buen síntoma del creciente interés y desarrollo de la Genética Humana en Hospitales y Universidades.

Además de este esfuerzo de clarificación de la Sociedad en cuanto a la composición de sus socios, han sido otros los hechos que se han tratado de sanear y/o actualizar. En primer lugar fue precisa la regularización de la situación legal de la Sociedad, revisando y actualizando su inscripción en el Ministerio del Interior. Por otra parte, y en la misma línea de puesta al día, se obedeció al compromiso de actualización de los Estatutos, para lo que se estableció un calendario de trabajo, se recogieron enmiendas, y finalmente se discutieron y votaron en la Asamblea de Noviembre de 1993 en Barcelona. Como otro elemento necesario de organización, se ha llevado a cabo la confección de un Directorio de todos los socios, con una primera edición en 1992, que podríamos decir reflejaba la situación de la SEG al poco de hacerse cargo de su dirección la actual junta, y una segunda edición que presenta la situación real tres años después, y que servirá de base para el intercambio entre los socios a partir de ahora y como instrumento de trabajo para la siguiente Junta. Por otra parte, tras las reuniones de trabajo de 1992 y 1993, la SEG es hoy miembro de pleno derecho de la FEES (Federación Europea de Sociedades de Genética), con un programa europeo de actividades a desarrollar muy prometedor en cuanto a intercambios, participación en reuniones científicas, cursos, *workshops*, información bibliográfica, distribución de boletines, etc.

Otro hecho de la mayor trascendencia a la que la junta Directiva ha dedicado un especial cuidado, es la del auspicio y presencia en Seminarios y Congresos de especialidades de la Genética, y en este sentido se han ofrecido subvenciones a varias reuniones nacionales e internacionales, incluyendo las jornadas de Genética Luso-Españolas.

En este sentido, se ha tenido especial cuidado en dar continuidad a la reunión científica anual de la SEG, de forma más directa en España, y hasta donde se nos querido escuchar en las celebradas en Portugal. La junta saliente entiende que, con carácter de superación, deben mantenerse las jornadas de Genética Luso-Españolas. Probablemente, y a sugerencia de la junta saliente, pasarán a constituirse como el Congreso Anual de Genética a partir de las próximas a celebrar en España, en Valencia en 1996. Los asistentes a las tres últimas reuniones celebradas en nuestro país, en Alcalá (1990), Badajoz (1992) y Lérida (1996), han sido los mejores testigos de varios modelos de organización muy satisfactorios, tanto por el grado de participación como y sobre todo por la calidad de los trabajos, conferencias y discusio-

nes. Sin duda, han supuesto una muestra y el exponente máximo de la Genética que se hace hoy en España. La junta saliente propone una mayor atención a este Congreso Anual, no sólo por ser la reunión de mayor poder de convocatoria de los genéticos españoles (cerca de 400 asistentes en las tres reuniones últimas), sino por suponer la mejor ocasión para exponer y discutir las actividades de investigación básica y aplicada y el momento de la especialidad en las Universidades y centros de investigación españoles.

Por último, hemos lanzado este Boletín que desde un principio hemos deseado fuese un real instrumento de intercambio de información profesional y de comunicación entre los Socios, y paralelamente se ha establecido un Correo electrónico (ver el Boletín nº 5), con la finalidad de agilizar aún más lo que preveíamos, con evidente exceso de optimismo, como medios rápidos y eficientes de comunicación.

Todo lo anterior hubiese sido muy difícil sin un mínimo de participación de los socios, y es éste un tema delicado ya que inevitablemente nos hubiese gustado que ésta hubiese sido aún mayor. No

obstante, entendemos todas las posturas que han motivado nuestra puesta al día y han estimulado nuestra modesta contribución a la Sociedad. Creemos haber sido fieles a lo que se nos encargó, aunque somos conscientes de que se pueden y deben hacer muchas más cosas. A aquellos que nos han objetado modos de actuar o de pensar, o han planteado críticas constructivas, miles de gracias. A quienes siempre han respondido a nuestras cartas o invitaciones, felicidades, pues a ellos más que a nadie se debe que el proyecto de la SEG siga adelante. A los que valoran su tiempo, su trabajo y sus éxitos personales por encima de los de los demás, pues nada que objetar, solo desearles que su actitud no sea contagiosa. La junta saliente felicita a todos los socios que han optado por la continuidad y la participación en la Sociedad y expresa sus mejores votos para el mejor aprovechamiento de la misma como un instrumento al servicio de la Genética que se hace en España. Declara su apoyo a la nueva candidatura encabezada por la Catedrática de Genética de la Universidad de Barcelona, Dra. Roser González Duarte, y expresa sus mejores votos para una nueva etapa de la Sociedad orientada hacia nuevas actividades profesionales llenas de éxito.

MARCADORES MOLECULARES EN LA MEJORA GENÉTICA DE PLANTAS

J. Moreno González

Centro de Investigaciones Agrarias de Mabegondo
Apartado 10, 15080 La Coruña

INTRODUCCIÓN

La posibilidad de usar marcadores morfológicos como una ayuda en la selección de caracteres cualitativos y cuantitativos en plantas fue sugerida por Sax (10) hace ya más de 70 años. A lo largo de la historia de la mejora de plantas, se han hecho intentos para seleccionar caracteres con utilidad agronómica utilizando marcadores morfológicos (denominados también alelos mutantes en contraposición al alelo normal). De hecho, se han observado asociaciones entre los caracteres seleccionados y determinados marcadores morfológicos. Por ejemplo entre el mayor rendimiento del grano del trigo y la menor talla de las plantas, y también entre el mayor rendimiento de híbridos

de maíz y el ángulo más agudo de inserción de las hojas en el tallo, etc. La contribución directa de estos mutantes al carácter seleccionado no está cuantificada, pero es muy probable que en estos casos el incremento de rendimiento no se deba a su asociación directa con los marcadores sino a una causa indirecta como es permitir un aumento de la densidad de plantas y del nivel de fertilización en el cultivo. Otros mutantes como el bm3 del maíz (pigmento pardo en el nervio de la hoja) proporciona un forraje con menos contenido en lignina y por tanto más alto valor nutritivo, sin embargo simultáneamente produce efectos desfavorables como son una reducción del rendimiento y un mayor encamado del cultivo. Hay otros muchos ejemplos en los que los mutantes producen al mismo tiempo efectos positivos y negativos en los caracteres a seleccionar. Por tanto la selección con base en marcadores morfológicos ha sido utilizada de forma muy limitada en la mejora genética de plantas.

TIPOS DE MARCADORES

Además de los marcadores morfológicos, en los últimos años se han descubierto otro tipo de marcadores genéticos como las isoenzimas en la década de los años 70, y marcadores moleculares como los RFLPs (*restricted fragment length polymorphisms*) en los años 80, y los RAPDs (*random amplified polymorphic DNA*) en los años 90. Estos marcadores han permitido el confeccionar mapas de ligamiento de alta densidad en el genoma. Existen hoy mapas de ligamiento con marcadores moleculares muy completos en varios cultivos como el tomate, maíz, trigo, cebada, soja, almendro, brásica, etc. Estos marcadores con un efecto neutro o al menos no adverso en la planta pueden ser una ayuda valiosa en la selección.

CARACTERÍSTICAS DE LOS MARCADORES

Los atributos ideales de un gen marcador son: (a) polimorfismo; (b) herencia mendeliana y no epistasia; (c) insensibilidad a la influencia y efectos ambientales; (d) ausencia de efectos en el desarrollo de la planta, es decir comportamiento como un gen neutro; (e) facilidad en la expresión, y simplicidad en la identificación y análisis; (f) codominancia; y (g) posibilidad de detección en las primeras fases de desarrollo de la planta.

Las isoenzimas y los RFLPs son los que más se acercan a estos atributos ideales. Las isoenzimas tienen el inconveniente de que su número es limitado, y por tanto no tienen una presencia suficientemente densa en todas las regiones del genoma. Los RFLPs son unos buenos marcadores moleculares permitiendo una densidad de mapeo alta en todo el genoma. Sin embargo, tienen el inconveniente de que su análisis en el laboratorio es actualmente costoso y frecuentemente necesitan isótopos radiactivos para su resolución, aún cuando los costes están reduciéndose progresivamente y nuevas técnicas limpias de fluorescencia pueden sustituir a los isótopos radiactivos. Los RAPDs son muy fáciles de analizar (después de la extracción del DNA solo necesitan de 4-6 h. para amplificación y separación electroforética) y al igual que los RFLPs pueden cubrir densamente el genoma, tienen sin embargo el inconveniente de que no poseen el atributo de codominancia, por lo que no es posible distinguir el genotipo homocigótico dominante del heterocigótico. Esta distinción es imprescindible para realizar la separación de individuos en la generación F2.

En el genoma del maíz existen actualmente descritos más de 700 marcadores, de los cuales aproximadamente unos 450 son RFLPs, 200 son morfológicos y 70 isoenzimáticos. En el maíz como en otros cultivos, continuamente se van descubriendo nuevos marcadores, especialmente RFLPs y RAPDs.

USOS DE LOS MARCADORES

Los marcadores moleculares se han utilizado o se pueden utilizar en los siguientes aspectos de la mejora genética de plantas:

(A) Estimación de distancias genéticas entre poblaciones, variedades, líneas puras e híbridos (3). Esto permite: (i) la clasificación taxonómica de ecotipos o muestras que acceden a los Bancos de Germoplasma como un complemento de los datos morfológicos que han sido utilizados desde los tiempos de Linneaus; y (ii) la asignación de líneas puras a grupos heterocigóticos con objeto de predecir el valor de los híbridos resultantes del cruce. Las distancias genéticas más usadas son la modificada de Rogers (9) utilizada con poblaciones segregantes y la de Nei-Li (7) utilizada con líneas puras e híbridos.

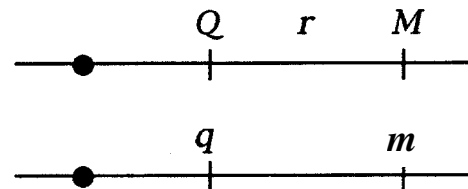
(B) Identificación y distinción de variedades, líneas puras e híbridos para proteger los derechos del obtentor vegetal en el Registro de Variedades Protegidas. Los marcadores de DNA permiten una distinción más precisa de genotipos que los "descriptores" morfológicos requeridos hoy día. Sin embargo estos marcadores moleculares no han sido todavía adoptados por los organismos oficiales encargados de la protección de variedades.

(C) Establecimiento de relaciones de parentesco o "pedigree" entre líneas o variedades para realizar estudios genéticos. El método es similar al utilizado en las pruebas de paternidad y parentesco en genética humana.

(D) Localización e identificación de genes cualitativos o mayores y también de genes con efectos pequeños afectando a caracteres cuantitativos (los así llamados QTLs).

IDENTIFICACIÓN Y SELECCIÓN DE QTLs

La identificación de los QTLs se basa en la teoría de ligamiento y recombinación desarrollada en el primer tercio de este siglo. La posibilidad de marcar densamente el genoma de plantas y animales ha hecho resurgir el interés por esta teoría (6). Una población segregante en desequilibrio de ligamiento es necesaria para localizar los QTLs. Las poblaciones más aptas son las derivadas del cruce de dos líneas puras. La base teórica es como sigue: Consideremos dos líneas puras P1 y P2 con genotipos marcadores MM y mm, respectivamente y QTLs, QQ y qq, respectivamente. El cruce F1 tiene la siguiente disposición cromosómica:



donde r es la frecuencia de recombinación entre Q y M; r es menor o igual que 0,5 y determina el grado de asociación entre Q y M en las generaciones segregan-

tes. En la generación F2 se detectan las clases marcadoras MM, Mm y mm. La clase MM está asociada al alelo Q con una frecuencia (1-r) mayor que la frecuencia (r) de asociación al alelo q. Esto significa que al seleccionar para la clase marcadora MM, al tiempo se selecciona para el alelo Q con interés agronómico. Si los genotipos portadores de una clase marcadora en un locus se diferencian significativamente de los de otra para un carácter poligénico determinado quiere decir que esos marcadores están asociados a un QTL para ese carácter.

La identificación de los QTLs se basa en la teoría de ligamiento y recombinación desarrollada en el primer tercio de este siglo

En los últimos cinco años se han desarrollado métodos estadísticos y biométricos para analizar la presencia y efectos de los QTLs (1). Tres tipos básicos de análisis pueden mencionarse: (a) contraste de clases marcadoras, (b) regresión múltiple (5) y (c) método de máxima verosimilitud (2 y 4). Los dos últimos métodos tienen mayor potencia discriminante que el primero. Existe un programa de ordenador muy extendido llamado MAPMAKER basado en la máxima verosimilitud que permite la identificación y mapeo de los QTLs. Debido a las limitaciones encontradas en los métodos de análisis se están haciendo grandes esfuerzos para progresar en este área.

APLICACIONES PRÁCTICAS DE LOS MARCADORES

Además de la identificación de genes mayores asociados a marcadores moleculares (1), se han detectado QTLs en varios cultivos, por ejemplo en tomate, maíz, soja, cebada, etc. Se han identificado QTLs responsables del contenido de los sólidos solubles del tomate en la generación de retrocruzamiento derivada del cruce entre dos líneas que diferían ampliamente en el contenido de los sólidos solubles (8 y 12). También, varios QTLs del maíz controlando el rendimiento y otros caracteres agronómicos (altura de la planta, longitud de la espiga, etc.) han sido identificados y localizados en las regiones cromosómicas del híbrido B73 x Mo17, cultivado extensamente en todo el mundo (11). Otros QTLs responsables de la resistencia del maíz al gusano europeo del taladro del tallo (*Ostrinia nubilalis*) han sido detectados en poblaciones segregantes. Otros muchos ejemplos podían citarse.

Las regiones cromosómicas portadoras de los QTLs identificados mediante los marcadores son demasiado largas (5-30 cM) para aislar, clonar y manipular el DNA informativo del QTL por sí mismo. Por tanto la estrategia que se sugiere en la mejora de plantas es seleccionar individuos portadores de marcadores con QTLs favorables y asistir o ayudar en la selección cuando se empleen los métodos convencionales de mejora; por ejemplo en la selección genealógica, en la selección con base en "test-crosses", o en la selección en retrocruzamientos, etc. El método es sencillo, seguir la pista del gen marcador asociado al QTL favorable a través de las sucesivas generaciones de selección.

Este tipo de selección asistida se está usando ya hoy día en varios laboratorios de Universidades, Centros Públicos y Empresas privadas grandes, pero es presumible que en el futuro pueda convertirse en un proceso rutinario en la mayoría de los programas de mejora de plantas, especialmente para el desarrollo de líneas puras y de híbridos.

LITERATURA CITADA

- 1 Arús, P. and J. Moreno-González. 1993. In Plant Breeding: Principles and Prospects, Hayward, M.D., Bosemark, N.O and Romagosa, I. (eds.), Chapman and Hall, London.
- 2 Carbonell, E.A., T.M. Gerig, E. Balansard and M.J. Asins. 1992. *Biometrics* 48:305-315
- 3 Dudley, J.W. 1994. Analysis of molecular marker data. *Proceed. of the joint plant breeding symposia series, American Society for Horticulture Science/Croe Science Society of America.* pp. 3-7.
- 4 Lander, E.S. and D. Botstein. 1989. *Genetics* 121:185-199.
- 5 Moreno-Gonzalez, J. 1993. *Genetics* 135:223-231.
- 6 Moreno-Gonzalez, J. 1993. *J. Genet Breed.* 47:9-14.
- 7 Nei, M. and W. Li. 1979. *Proc Natl. Acad. Sci. USA* 76:5269-5273.
- 8 Paterson, A.H., E.S. Lander, J.D. Hewitt, S. Paterson, S.E. Lincoln and S.D. Tanksley. 1988. *Nature* 335:721-726.
- 9 Rogers, J.S. 1972. *Studies in genetics VII. Univ. of Texas Publ.* 7213:145-153.
- 10 Sax, K. 1923. *Genetics* 8:552-560.
- 11 Stuber, C.W. 1994. Analysis of molecular marker data. *Proceed. of the joint plant breeding symposia series, American Society for Horticulture Science/Crop Science Society of America.* pp. 44-46.
- 12 Tanksley, S.I. and J. Hewitt. 1988. *Theor. Appl. Genet.* 60:291-296.

SITUACIÓN DE LA GENÉTICA EN LOS NUEVOS PLANES DE ESTUDIO DE LA LICENCIATURA DE MEDICINA

José Luis Mensúa

Con la implantación de los nuevos planes de estudio, la situación de las enseñanzas de Genética en la Licenciatura de Medicina parecía salir a la luz. En los antiguos planes de estudio se utilizaba la asignatura de primer curso Biología General para dar docencia tanto en temas de Citología como de Genética. Sin embargo, en los nuevos planes aparece el área de Genética como responsable de la docencia en una materia troncal, algunos de cuyos descriptores son inequívocamente genéticos.

De acuerdo con el Artículo 7 del Real Decreto de 1497/87 sobre directrices generales comunes de los planes de estudio de los títulos universitarios, "todas las materias de un plan de estudio deberán vincularse a una o a varias áreas de conocimiento, vinculación que se determinará en las directrices Genéticas generales propias del título para las materias troncales, que sólo podrán ser impartidas por los profesores de las correspondientes áreas de conocimiento".

Morfología, estructura y funciones del organismo humano normal. Niveles Molecular, Celular, Tisular y Orgánico.

Bioquímica General y Biología Molecular:

Bases Moleculares de la Estructura y Función Celular.

Citología, embriología, histología y morfología general humanas.

Fisiología celular y tisular.

Genética Humana: Genética Molecular, Citogenética y Genética de Poblaciones.

Como Genético, uno teme que las Facultades asignen la docencia de la Genética a profesionales de otras áreas

y se le asigna cinco áreas de conocimiento:

"Biología Celular", "Bioquímica y Biología Molecular",

"Ciencias Morfológicas", "Fisiología" y "Genética".

De acuerdo con los descriptores de la materia troncal, separados en el texto del R.D. por punto y seguido, parece lógico entender que el legislador ha establecido una relación unívoca entre los módulos docentes en que puede quedar dividida dicha materia troncal y las áreas de conocimiento. Además, esa relación parece lógica desde todos los puntos de vista académicos (docentes e investigadores).

En el Estado Español existen 51 Universidades, 26 con Facultad de Medicina, de las que 13 tienen aprobados los nuevos planes de estudio. En ellos la Genética figura de la siguiente forma:

Denominación	Número del módulo	Área/s asignada/s
Genética	2	GENÉTICA
Genética Humana	2	Biología Celular Bioquímica y Biología Molecular GENÉTICA
Genética Médica (*)	1	Ciencias Morfológicas GENÉTICA
Genética	1	Biología Celular
Genética Humana	2	Bioquímica y Biología Molecular
Genética Médica	1	Ciencias Morfológicas
Genética Molecular y Humana	1	Fisiología GENÉTICA
Bioquímica II	1	Biología Celular
Bioquímica I/Biología	1	Bioquímica y Biología Molecular Ciencias Morfológicas Fisiología GENÉTICA
? (**)	1	Biología Celular Bioquímica y Biología Molecular Ciencias Morfológicas Fisiología

(*) Es el único módulo de una materia troncal de dicha Universidad en el que figuran dos áreas de conocimiento

(**) Aunque figuran todos los descriptores de la materia troncal, no hay una asignatura con el nombre de Genética ni aparece incluida el área de Genética.

Como se ve, la situación es variopinta. A excepción de dos Universidades, no se ha establecido una relación clara, directa, entre módulo y área de conocimiento; se han buscado nombres distintos para el módulo, o incluso se ha anulado sin más el área. Como Genético, uno teme que las Facultades asignen la docencia de la Genética a profesionales de otras áreas, sobre todo teniendo en cuenta que, excepto en un caso, no hay Profesores del área de Genética en las Facultades de Medicina. Me temo que en los nuevos planes de estudio la Genética quedará igual de secuestrada que en el antiguo plan. Una confirmación la tenemos en las asignaturas optativas que aparecen en algunos planes de estudio. Por ejemplo, una GENÉTICA MEDICA, cuyo descriptor es "Bases genéticas de las enfer-

medades transmisibles", está asignada a las áreas de Medicina y de Pediatría. Otro ejemplo es el de la asignatura "Enfermedades genéticas y metabólicas de la infancia", en donde figuran, entre otras, las áreas de Psiquiatría y de Radiología y Medicina Física (sic) pero no el área de Genética.

El que exista un área cuya competencia es la enseñanza de la Genética, bajo cuyo nombre se convocan plazas de plantilla de Profesores Universitarios, o con el que se crean Departamentos que "son los órganos básicos encargados de organizar y desarrollar la investigación y las enseñanzas propias de su respectiva área de conocimiento...", no parece tener importancia a la hora de asignar la docencia en las Facultades de Medicina. Parece que la Genética

es patrimonio de todos, y todos están capacitados para su enseñanza. Es, probablemente, una visión pesimista de lo que los Genéticos podemos hacer en la docencia de la Genética en Medicina, pero creo que bastante real.

Una de las razones para este pesimismo es la aplicación de la normativa de los nuevos planes de estudio, que dice que "las Universidades... podrán organizar dichas materias en disciplinas o asignaturas concretas", es decir, como ellas quieran. Otra es la falta de tradición de estudios reglados de Genética en Medicina, especialmente de Genética básica. Quizás no se quiso, en su momento, crear nuevas plazas que pudieran constituir nuevos Reinos de Taifas.

CARTA ABIERTA AL MINISTRO DE EDUCACIÓN Y CIENCIA

Francisco Murillo, Roser González Duarte y José Luis Ménsua

Excmo. Sr.

En relación con una de las materias troncales del primer ciclo del nuevo plan de estudios de Medicina, (Real Decreto 1417/1990, BOE, 20/11/90) en la que interviene el área de Genética, deseamos manifestar lo que sigue:

La materia citada aparece bajo el epígrafe Morfología, estructura y funciones del organismo humano normal. Niveles Molecular, Celular, tisular y Orgánico. Esta materia troncal se divide en varios apartados y se asigna a varias áreas de conocimiento, incluida la Genética.

De acuerdo con los apartados de dicha materia troncal, separados en el texto del Real Decreto por punto y seguido, parece lógico entender que el legislador ha establecido la siguiente relación unívoca entre asignaturas concretas y áreas de conocimiento:

Asignaturas concretas	Áreas de Conocimiento
Bioquímica General y Biología General.	Bioquímica y Biología Molecular
Fisicoquímica Biológica General	Biología Celular
Bases Moleculares de la Estructura y Función Celular.	Ciencias Morfológicas
Citología, Embriología, Histología y Morfología General Humanas.	Fisiología
Fisiología celular y tisular	Genética
Genética Humana: Genética Molecular, Citogenética y Genética de Poblaciones.	

A pesar de ello, se está constatando en las Comisiones de Reforma de los Planes de Estudio de Medicina de distintas Universidades la resistencia a crear la asignatura de "Genética Humana", con los tres subapartados considerados por el legislador, tendiendo algunas Universidad a fragmentar su contenido en distintas asignaturas, a las que se adscribe, además, áreas de conocimiento distintas de la Genética.

En nuestra opinión, esta actitud, que podría responder a intereses corrompidos, constituye un grave atentado al espíritu del cita-

do Real Decreto y, sobre todo, está en contradicción con la actual importancia científica y académica de la Genética como área de conocimiento propia. Esta actitud pone en peligro la necesaria actualización de la formación de los futuros profesionales de la Medicina.

La situación que se describe, que en el pasado podría haber tenido cierta explicación en la relativa lentitud de los avances en Genética Humana, sobre todo en lo que se refería a sus aplicaciones clónicas, hoy día no tiene ninguna justificación. Es notorio que la Genética, y la Genética Humana

en particular, ha experimentado un desarrollo vertiginoso en los últimos años. Hoy día, la estructura y funcionamiento del ser humano, tanto en su condición normal como patológica, no puede siquiera entenderse si no es a través de los conceptos y del enfoque metodológico de la Genética.

Es ahí, en la existencia de una forma de aproximación al conocimiento específicamente genética, donde radica una de las razones fundamentales para requerir el concurso de los Profesionales del área de la Genética en la Licenciatura de Medicina. Para ilustrar este punto basta citar que ha sido precisamente la aplicación de esta aproximación específica al estudio de los genes que controlan la división y diferenciación celular de organismos modelo, la que ha conducido a la identificación de muchos "oncogenes", como ver-

siones alteradas de genes homólogos de la especie humana. O el empleo de conceptos y técnicas tan genuinamente genéticos como recombinación y cartografía cromosómica en las actuales investigaciones que pretenden, y están consiguiendo, identificar y caracterizar un número cada vez mayor de genes responsables de enfermedades humanas hereditarias.

El estudiante de medicina no debe permanecer ajeno a esta vía de aproximación al conocimiento, que sólo puede ser transmitida correctamente por el profesional de la Genética. El hecho de que profesionales de otras áreas converjan en el estudio de fenómenos que interesan a los genéticos, no les convierte de golpe en conocedores de la aproximación genética a dicho estudio. En realidad es, precisamente, el abordaje de un mismo problema desde distintos

puntos de vista el que garantiza una mejor y más rápida comprensión del mismo, y la pérdida de esta posibilidad, y por tanto de su posibilidad de transmisión a los alumnos, no puede resultar más que intelectualmente esterilizante.

Desde luego, no excluimos la posibilidad de que profesionales iniciados en áreas distintas hayan adquirido posteriormente una adecuada formación, tanto conceptual como metodológica, en el área de la Genética. En este caso, lo deseable sería la incorporación de estas personas a dicha área, o su participación como colaboradores en enseñanzas coordinadas por el área de Genética, pero no la apropiación de unas materias, distintas de las de su área de conocimiento natural, de las que son especialistas profesionales con mejor conocimiento y mayor experiencia en las mismas.

¿HA MUERTO LA GENÉTICA VÍCTIMA DE SU PROPIO ÉXITO?

Nicolás Jouve de la Barreda

A más de uno puede que le sorprenda una pregunta como la que encabeza este comentario. En el fondo no es malo hacerse este tipo de preguntas. Lo malo es frivolar sobre algo tan complejo y serio como todo un área de la ciencia, pretendiendo su entierro al diagnosticar su defunción de forma contundente, ante un auditorio que se supone es de expertos en dicha área, pongamos por caso la Genética. Estas afirmaciones en el preámbulo de una conferencia y formuladas con un tono provocador, suelen hacerse para conseguir un efecto revulsivo, y esto, o sirve para compensar deficiencias de fondo de la propia conferencia o para llamar la atención y forzar un distanciamiento con el auditorio. Ambas cosas parecen incompatibles con la elemental naturalidad que uno espera de una conferencia con más ciencia que literatura.

El problema de la Genética no es el de haber llegado a un grado tal de madurez que se pueda pensar en su inmediata defunción. El problema de la genética es el de su tremendo atractivo en el contexto de las ciencias biológicas, o dicho de otra forma, puede que sea víctima de la fuerza atrayente de sus propios éxitos, y del deseo de participar en los mismos desde otros campos afines de las ciencias experimentales. Pero esto, que se sepa ni mata a nadie, ni siquiera puede ser imputable como negativo para la propia genética. Es simplemente el fruto del propio avance de las ciencias, hoy más interactivo que nunca. Dada la imbricación actual de las ciencias, a la Genética y desde la Genética se puede llegar a través de un sinnúmero de actividades investigadoras colindantes. Esto, en un contexto más general es muy positivo pues ha determinado el progresivo avance de las ciencias, y ha acele-

rado el ritmo de descubrimientos de forma espectacular en los últimos años. Hoy, más que en ninguna etapa histórica anterior, las fronteras entre diferentes campos de las ciencias experimentales son muy laxas.

Tal vez, los genéticos de derecho tienen un conjunto tan amplio y estimulante de campos genuinos en qué investigar, que no se plantean si lo que hacen es o no de su propia área por el mero hecho de utilizar unas u otras técnicas experimentales, o unos u otros organismos de experimentación. Tal vez los que sí caen en esta tentación de minimizar o desdibujar la identidad de la Genética son quienes la ven desde fuera. En Genética, probablemente más que en otros campos de la ciencia por la fuerza aglutinadora y universal de los fenómenos que estudia, prima más la idea y los objetivos que normalmente motivan la realiza-

ción de un trabajo experimental, que los métodos y las técnicas, que se eligen como meras herramientas para resolver los problemas. Estos son muy diversos, y su fuente es inagotable y progresivamente más y más exigente, a medida que se va profundizando en el conocimiento del material hereditario, pues es mucho lo que falta por saber de su organización, expresión, comportamiento y variación, y de sus consecuencias en fenómenos tan excitantes y complejos como el desarrollo y la evolución. Alrededor de estos fenómenos, con mentalidades diversas y casi siempre más con fines aplicados que de investigación básica, giran los biotecnólogos, médicos, bioquímicos, fisiólogos, etc. que desarrollan una labor importante y necesaria, pero que en nada sustituyen lo que se entiende por investigación Genética.

Existen suficientes señas de identidad como para distinguir al genético, de quienes investigan en otras ciencias de la vida, con las que la Genética felizmente interactúa y en muchos casos llena de sentido y contenido. El caso mas evidente lo tenemos en la clarifica-

ción de la teoría de la Evolución, central en el pensamiento biológico de nuestro siglo, a partir de los descubrimientos de la Genética de Poblaciones. A pesar de esta importante aportación, a ningún genético se le ocurre pensar que la Evolución es algo muerto, que ya no interesa, ni atribuirse un éxito tan compartido como el que dio luz a la teoría sintética de la evolución. Y si dejamos los años treinta, y nos movemos hacia los cincuenta encontraremos un ejemplo similar, en el éxito interactivo de varias ramas de las ciencias de la vida, con el enunciado de la teoría de un gen-un enzima. Y aún en el momento presente y en un terreno de genética mas pura, ¿quien puede dudar del papel del análisis mutacional en la comprensión de los mecanismos que explican el desarrollo de los seres vivos?, ¿quien ignora la vitalidad del análisis comparado del ADN entre especies, para explicar la conservación y la variación de estructuras, funciones y formas de vida a lo largo de la evolución?, ¿quien entierra a la genética antes de culminar el trabajo impresionante de explicar la organización de secuencias y genes en los mapas cromosómicos,

en los más diversos organismos?.

La genética lejos de languidecer, es una ciencia de éxito creciente, por lo apasionante de su propio campo de investigación, por las enormes repercusiones de sus descubrimientos en el pensamiento y en el bienestar humano, y por su privilegiada posición entre las Ciencias Biológicas, que tan admirablemente nos explicaba Julián Rubio en un ensayo inolvidable (Rubio, J. 1973. "Genética su posición entre las Ciencias Biológicas", CSIC, Est. Exp. Aula Dei, Bol, nº 12).

Tal vez los genéticos que en una gran mayoría se encuentran implicados en tareas de aislamiento de genes o secuencias, ó de su clonación, amplificación, caracterización y análisis con la más diversa finalidad, deberían plantearse una reclamación, derivada no ya de sus particulares objetivos de investigación sino de la tecnología molecular que utilizan. ¿No deberían reclamar para sí, con el mismo derecho que sus colegas de otras áreas, el patrimonio de la "Biología Molecular"?

SEMINARIO SOBRE CICLO CELULAR EN LAS XXIX JORNADAS LUSO-ESPAÑOLAS DE GENÉTICA

Martí Aldea.
Dept. Ciéncies Mèdiques Bàsiques.
Universitat de Lleida

La caracterización de las redes moleculares que regulan el ciclo célula tiene un interés doble. Por una parte, los mecanismos responsables de la transformación celular y el cáncer están íntimamente relacionados con los procesos involucrados en el control del ciclo celular, y su mejor comprensión aportará sin duda más bases racionales para el diseño de nuevas estrategias terapéuticas. Por otro lado, el conocer las diferencias en la regulación del ciclo celular en distintos modelos como bacterias, levaduras y células humanas permitirá establecer criterios racionales adicionales para la búsqueda y el diseño de nuevos agentes antimicrobianos de alta especificidad.

Las jornadas de Genética Luso-Españolas de este año han tenido lugar en Lleida y en ellas se han organizado varios seminarios temáticos con el fin de agrupar en sesiones coherentes a los grupos cuya investigación se centra en diversos aspectos relacionados con la Genética. El motivo por el que uno de estos seminarios se haya dedicado a los mecanismos reguladores del ciclo celular se debe a la más o menos reciente creación de varios grupos involucrados en este tema en España, y estas Jornadas de Genética han permitido el contacto directo de estos grupos para exponer sus líneas de investigación y proyectos futuros.

El seminario sobre ciclo celular se abrió con una sesión a cargo de James DeCaprio (Harvard Medical School) dedicada a exponer

los recientes conocimientos sobre el papel de una familia de proteínas relacionadas con la proteína Rb (Retinoblastoma). Esta familia de proteínas está implicada en el control a nivel transcripcional de genes en la interfase G1/S del ciclo celular, es decir, en el punto del ciclo donde la célula integra distintas señales externas e internas para tomar la decisión de ejecutar un ciclo de división celular. Más concretamente, se conoce desde hace algún tiempo que la proteína Rb actúa como represor del factor E2F, activador de transcripciones de genes G1/S. La proteína Rb sólo es capaz de bloquear la actividad de E2F cuando aquella se encuentra en estado de baja fosforilación, forma que sería la correspondiente en células no proliferantes. Por contra, y en células con elevada tasa de proliferación, la

fosforilación de Rb por complejos cdk/ciclina conduce a su inactivación y la consiguiente desrepresión del factor E2F para ejecutar la transición G1/S. Finalmente, en algunos casos en que la proliferación celular es inducida por virus oncogénicos, ciertas proteínas codificadas por el virus (E1A, antígeno T, etc.) son capaces de escudriñar Rb de su interacción con E2F y así permitir la transición G1/S. Dichas proteínas víricas contienen un dominio semejante a las ciclinas D y es mediante este dominio que dichas proteínas interactúan directamente con Rb. Así pues, el mecanismo que utilizan las proteínas víricas parece ser homólogo al empleado por la células en condiciones de proliferación normal, en las cuales la expresión de ciclinas D se correlaciona directamente con su capacidad de proliferar. La importancia de la proteína Rb en la regulación del ciclo celular se pone de manifiesto especialmente durante el desarrollo embrionario; animales homocigóticos para Rb son inviables y muestran desórdenes muy acentuados en el desarrollo de los sistemas hematopoyético y nervioso. Dado que la superexpresión de Rb por transfección en ciertas líneas de osteosarcoma es capaz de dete-

ner su proliferación, el profundizar conocimiento del mecanismo de acción de Rb y de las demás proteínas de su misma familia puede permitir el diseño de estrategias de terapia génica somática en las que pudieran utilizarse variantes mutacionales con alto poder supresor de proliferación celular.

En las siguientes sesiones del seminario sobre ciclo celular participaron los distintos grupos que en España trabajan en proyectos de investigación básica dedicados al estudio del ciclo celular en eucariotes y procariontes. En ellas se trataron diversos temas relacionados con los mecanismos reguladores del ciclo celular, especialmente en levaduras. Avelino Bueno (CSIC, Universidad de Salamanca) habló del papel del gen CDC6 en *Saccharomyces cerevisiae* en el control que sobre la mitosis ejerce la replicación del DNA. Juan Jiménez (Universidad de Málaga) nos expuso sus trabajos sobre la transición G2/M en modelos de levadura y *Drosophila*, y propuso un nuevo método de obtención de mutantes condicionales basado en la sensibilidad a elevadas concentraciones de etanol. Sergio Moreno (CSIC, Universidad de Salamanca) habló de sus recientes trabajos con

el gen rum1 de *Schizosaccharomyces pombe* y de su papel como inhibidor de complejos cdk/ciclina en respuesta a hormonas sexuales. Miguel Vicente (CSIC, Madrid) resumió el trabajo de su grupo relativo al estudio de la función y la regulación a nivel transcripcional de genes esenciales de división en *Escherichia coli*. José Ayté (Harvard Medical School) nos mostró sus trabajos sobre los componentes del complejo MBF y su función en la transición G1/S de *Schizosaccharomyces pombe*. Finalmente, yo mismo tuve la oportunidad de exponer los trabajos de nuestro grupo relativos al aislamiento de genes que controlan la fase G1/S en *Saccharomyces cerevisiae* en situación de limitación de nutrientes.

Además de la exposición de trabajos ya realizados, este seminario nos permitió plantear y discutir cuestiones relacionadas con el trabajo futuro de cada grupo. Dado su interés, se decidió organizar en adelante una reunión anual para que los trabajos de cada grupo puedan ser expuestos con más detalle y su discusión sea así más exhaustiva para favorecer el intercambio de ideas y materiales biológicos.

LA DIMENSIÓN CÓSMICA EN EL PROCESO EVOLUTIVO

Enric Herrero y Joan Fibla

Cometas, asteroides, agujeros negros, entidades estelares pertenecientes al apasionante mundo del Cosmos que nos sugieren, de forma casi instintiva, una idea de futuro. Sin embargo pocas veces nos paramos a pensar que en el Cosmos está también nuestro pasado, nuestro origen remoto. Este ha sido el tema de la disertación del Profesor Joan Oró en la Conferencia de Clausura de las XXIX Jornadas de Genética Luso-Españolas titulada "El origen cosmoquímico de las moléculas genéticas y de la vida en la Tierra primitiva".

Habitados al microcosmos de las moléculas, los geles de agarosa o los cromosomas metafásicos, resultó sugestiva y apasionante la visión microcósmica dada por el Dr. Oró del origen y evolución de la vida en la Tierra. Desde el punto de vista cosmoquímico, el proceso evolutivo se inició mucho antes de la formación del Sistema Solar, con la síntesis termonuclear en las estrellas de los elementos biogénicos esenciales para la vida. El siguiente proceso fue la aparición de moléculas orgánicas en el espacio interestelar, precursoras de los compuestos bioquímicos y detectadas en los cometas y meteoritos carbonáceos. El Sistema Solar, con sus planetas, cometas y meteoritos, fue el

caldo de cultivo sobre el que catalizaría el proceso evolutivo que daría lugar a la aparición de la vida sobre la Tierra. El profesor Oró se detuvo en describir las diferentes teorías sobre la formación del sistema Tierra-Luna, haciendo especial hincapié en la actualmente aceptada "teoría del impacto gigantesco". El impacto entre la Tierra y un objeto estelar, hace 4000 millones de años, habría "desgajado" la materia que constituyó la Luna actual. El calor generado por dicho impacto ocasionó la pérdida de compuestos volátiles, entre ellos el agua. Esta, junto con la materia orgánica, retornaron a la Tierra primitiva en cometas y meteoritos tras los innumerables impactos que se sucedieron durante un largo periodo de tiempo. Sin duda fue este un acontecimiento cósmico crucial para entender el proceso evolutivo. El conferenciante abordó seguidamente la descripción de los procesos de síntesis abiótica de aminoácidos y bases nitrogenadas, tema de investigación en el que el profesor Oró ha jugado un papel muy relevante, que dieron lugar a la aparición de las primeras moléculas "de la vida" en la Tierra primitiva. Acontecimientos cósmicos de índole menor, tales

como el impacto de meteoritos, podrían haber jugado un papel decisivo en distintas fases del proceso evolutivo. En este sentido la extinción masiva de seres vivos, como la ocurrida a finales de Cretácico, podría ser un ejemplo de esta interferencia cósmica.

Desde el punto de vista cosmoquímico, el proceso evolutivo se inició mucho antes de la formación del Sistema Solar

El profesor Oró finalizó su conferencia haciendo una llamada de atención sobre la interferencia humana en el proceso evolutivo de la vida terrestre y de la responsabilidad que tiene la propia humanidad, al menos para evitar su propia autodestrucción.

IN VITRO CONSERVATION OF GENETIC RESOURCES

Brian V. Ford-Lloyd
University of Birmingham, UK

The maintenance in vitro of plant material has an important role to play as an alternative to field genebanks in conserving clonally propagated species (eg. potato, cassava, yam, taro, cocoyam, banana, garlic), and those species which produce recalcitrant seeds (eg. cacao, mango, coconut, avocado, hops). Increasingly, in vitro conservation is even required for leed crops as barley, rice and maize, where because the possibility for transformation is governed by genotype, there is a need to conserve competent cell cultures for continued experiments.

Various techniques now exist for in vitro conservation including slow growth storage and cryopreservation, the latter being the most promising for long-term conservation of germplasm. While slow growth storage is dependent upon the ability to culture shoots under conditions which reduce the growth rate to a minimum, cryopreservation depends upon the manipulation of meristems, callus, cell cultures or somatic embryos. Success may depend upon preconditioning, cryoprotection, rate of freezing, and the use of vitrification and dessication strategies before storage.

In vitro storage of germplasm of potato, cassava and banana is now underway. Research continues to

find ways of conserving mango, coconut and *Xanthosoma*. In vitro techniques for collecting germplasm are well advanced and have been successfully applied to cotton, cassava, coconut and citrus fruits.

Various techniques now exist for *in vitro* conservation including slow growth storage and cryopreservation, the latter being the most promising for long-term conservation of germplasm

Genetic stability of germplasm stored in vitro culture, and may occur at very high levels. For instance, in bananas and plantains up to 60% of in vitro progeny can be offtypes. Despite this, in vitro techniques are still preferred for propagation and maintenance of germplasm. Because of the significance that in vitro techniques have in *Musa* germplasm conservation and propagation, a case study of bananas and plantains is worthy of deeper consideration.

References

- Dodds JH. 1991. In vitro methods for conservation of plant genetic resources. Chapman and Hall, London.
- Ford-Lloyd B, Jackson M. 1986. Plant Genetic Resources -an introduction to their conservation and use. Edward Arnold, London.
- Vuylsteke DR. 1989. Shoot-tip culture for the propagation, conservation and exchange of *Musa* germplasm. Practical Manual for Handling Crop germplasm in vitro. 2. IBPGR. Rome.
- Withers LA. 1989. In vitro conservation and germplasm utilization. In: The use of plant genetic resources. Brown AHD, Marshall DR, Frankell OH and Williams JT (eds.). Cambridge University Press. Cambridge, pp. 309-334.
- Withers LA. 1991. In vitro conservation. Biol. J. Linn. Soc. 43:31-42.

METHODS OF IDENTIFYING USEFUL GERMOPLASM

Brian V. Ford-Lloyd
University of Birmingham, UK

Empirical data from three intensively studied crop groups will be examined to identify genetic changes that occurred as wild species were converted into land-races and then into elite cultivars. First to be examined are changes that occurred over generations in the alleles per locus.

The frequencies of discretely recognizable alleles of Mendelian loci that govern various morphological, disease resistance, allozyme and restriction fragment variants. The main findings are that the frequencies of such alleles are highly correlated with adaptability, productivity and product quality: evidently natural and/or man guided selection for improvement in these attributes caused the frequencies of some of these alleles to reach high levels and the frequencies of most such alleles to reach low levels over generations. Fortunately the frequencies of discretely recognizable alleles can be determined quickly, with great precision, and relatively inexpensively by simple counts of numbers of different alleles in various sources of exotic germplasm (e.g. accessions in

germplasm banks, genetically enhanced populations, as well as in current local breeding stocks and cultivars. Rapidly growing arrays of discretely recognizable variants, including restriction fragment variants, thus appear to offer outstanding opportunities for identifying promising alleles for introgression into local breeding stocks. In an allele is frequent in some area

Empirical data from three intensively studied crop groups will be examined to identify genetic changes that occurred as wild species were converted into land-races and then into elite cultivars.

but not present in other areas, prudent genetic resource management calls for introducing such alleles into the areas where they are not present. If an allele is rare everywhere it is unlikely useful anywhere and cost-effective germplasm managers will direct their efforts elsewhere.

The task of managing germplasm at the genotypic level is much more difficult than at the allelic level). This is because having superior alleles in breeding

stocks is not enough superior alleles must be assembled into synergistic multilocus combinations that give wide adaptability and high performance over the range of fluctuations which occur in local environments. This is a substantial complication because the numbers of possible genotypes increase exponentially with increasing numbers of loci and increasing numbers of consequences are that large numbers of cycles of segregations and recombination, carried out in large populations, are required merely to produce the most useful multilocus genotypes and further, that laborious and expensive testing under agricultural conditions is required to determine the real value in any given environment of novel genotypes.

The concept which emerges is that preservation of biodiversity, as well as the utilization of genetic resources are evolutionary processes and that understanding of the underlying evolutionary mechanisms responsible for the genetic changes that have occurred over generations provides the most certain guide for development of effective management strategies for the future.

VÍDEO DE PRÁCTICAS DE *DROSOPHILA*

Nicolás Jouve de la Barreda

Con Guión y Dirección de María Dolores Moltó y L. Pelechá, montaje de Oscar Vázquez, editado por el Centre de Produccions Audio-Visuals de la Universidad de Valencia, y copyright del Servei de Formació del Professorat de la Universidad de Valencia, 1993, 28 minutos.

Se trata de un vídeo pensado, diseñado, dirigido y materializado por dos entusiastas profesores del Departamento de Genética de la Universidad de Valencia. La iniciativa es merecedora del primer aplauso, máxime cuando responde a la cotidiana y ardua tarea de explicar unas prácticas que, probablemente más que otras, requieren una explicación prolija y llena de ilustraciones. Por otra parte, el deseo de mejorar la docencia es una rara especie en el momento presente en que la norma es una atención menor a lo que peyorativamente se denomina "carga" docente.

Pero, yendo ya al contenido de este Vídeo, el aplauso es extensible a todos y cada uno de los aspectos de la obra: guión, puesta en escena, escenario, actores, montaje, audición, etc. Metáforas aparte, lo cierto es que este Vídeo es un instrumento excelente para presentar a los estudiantes de Genética General los elementos básicos necesarios para la realización de experimentos de herencia con *Drosophila*. El esquema general del guión es muy acertado y comprende desde los aspectos históricos de la introducción de la *Drosophila melanogaster* en la Genética, hasta los más mínimos detalles experimentales necesarios para llevar a cabo los cruzamientos, como el manejo de parenta-

les, extracción de hembras vírgenes, manejo de las descendencias, etc. Magníficas las imágenes del ciclo biológico, lo más difícil de seguir en las propias prácticas, y excelente la selección y presentación de los mutantes morfológicos más usuales. En mi opinión el gran mérito del vídeo estriba en la combinación del guión, que comprende de forma lógica y ordenada todo lo necesario en la explicación de estas prácticas, y de una exquisita realización técnica, a base de imágenes tomadas con cámaras profesionales, que permiten ver detalles difíciles de apreciar la primera vez que se observan con el microscopio estereoscópico. Pero además para mayor claridad las imágenes se apoyan en un texto muy cuidado y detallado, y se destacan con señales digitalizadas (flechas, círculos de diferente luminosidad, superposición de texto, etc.). La utilidad del vídeo está garantizada. De seguro que una vez observadas estas imágenes con tan meticulosa presentación, al estudiante le resultará más sencilla la observación de todos los detalles y su aplicación cuando, instalado en su puesto de trabajo, recree las imágenes en los materiales biológicos y medios experimentales que le rodean.

El Vídeo ha sido editado en "valenciá", y éste es el pequeño inconveniente inmediato de su utilización, pues obligaría a bajar el sonido y suplir la excelente audición original por la propia, en universidades de habla castellana. Esto no es tan importante, lo único, es que se perdería así el aliciente de la voz grave y bien entonada de la versión original. No obstante, sí como es de esperar, el interés por este Vídeo se corresponde con su calidad, no será difícil conseguir pronto una edición en "castellano". A ello, me consta están dispuestos sus realizadores y directores.

PRESENTAMOS A...GRANADA

DEPARTAMENTO DE GENÉTICA, FACULTAD DE CIENCIAS, UNIVERSIDAD DE GRANADA

Postal: Fuentenueva, s/n
18071-Granada
Fon: 958-243260, -61, -62
Fax: 958-244073

GRUPO DE BIOLOGÍA DE POBLACIONES DE ORTÓPTEROS

Responsable: Juan Pedro Martínez Camacho (Titular)
C.electr.: jpmcamac@goliat.ugr.es

Miembros que participan:
Josefa Cabrero Hurtado (Titular)
Mil Dolores López León (Ayudante)
Mohammed Bakkali (Becario)

Línea(s) de Trabajo
Significado biológico de la heterocromatina supernumeraria.
Biología reproductiva de ortópteros.

Selección sexual en poblaciones naturales de ortópteros.

Proyectos en curso con financiación específica
DGICYT PB93-1108. Los cromosomas B del saltamontes *Eyprepocnemis plorans*, paradigma de coevolución genómica.

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

López-León, M.D., Cabrero, J., Camacho, J.P.M., Cano, M.I., Santos, J.L. A widespread B chromosome polymorphism maintained without apparent drive. *Evolution* 46: 529-539, 1992.
López-León, M.D., Cabrero, J., Pardo, M.C., Viseras, E., Camacho, J.P.M. Paternity displacement in the grasshopper *Eyprepocnemis plorans*. *Heredity* 71: 539-545, 1993.
López-León, M.D., Neves, N., Schwarzacher, T., Heslop-Harrison, T.S., Hewitt, G.M., Camacho, J.P.M. Possible origin of a B chromosome deduced from its DNA composition using double FISH technique. *Chromosome Research* 2: 87-92, 1994.

GRUPO DE GÉNETICA AGRÍCOLA Y FORESTAL

Responsable: Luis Pascual Reguera (Titular)

Miembros que participan:

Francisco Perfectti Alvarez (Becario)
Alberto Vargas Morales (Catedrático Bioquímica)
José María Farré (Investigador CSIC)
Margarita Gutiérrez García (Colaborador)

Línea(s) de Trabajo

Caracterización genética en cultivos de chirimoyo. Estudios sobre maduración y mejora. Análisis de la variabilidad y recursos genéticos en coníferas (*Abies pinsapo* y *Pinus silvestris*).

Proyectos en curso con financiación específica

CICYT PB92-0929. Clonado y caracterización de las isoenzimas renales del enzima bifuncional 6fosfogluco-2-quinasa / fructosa 2,6-bisfosfatasa.

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

Pascual, L., Perfectti, F., Gutiérrez, M., Vargas, A.M. Characterizing isozymes of spanish cherimoya cultivars. Hortscience 28:845-847, 1993.
Pascual, L., García, F.J., Perfectti, F. Inheritance of isozyme variations in seed tissues of *Abies pinsapo* boiss. Silvae Genetica 42: 335340, 1993.
Gutiérrez, M., Sola, M.M., Pascual, L., Vargas, A.M. Post-harvest changes of sugar concentrations in chilled injured cherimoya (*Annona cherimola* hill). Journal Plant Physiology 143:27-32, 1994.

GRUPO DE CITOGENÉTICA MOLECULAR Y EVOLUTIVA EN MAMÍFEROS

Responsable: Rafael Díaz de la Guardia Guerrero (Titular)

Miembros que participan:

Miguel Burgos Poyatos (Titular)
Rafael Jiménez Medina (Titular)
Antonio Sánchez Baca (Asociado Univ. Jaén)
Mónica Bullejos Martín (Becaria)
Federico Zurita Martínez (Colaborador)

Línea(s) de Trabajo

Citogenética y filogenias cromosómicas y moleculares.
Determinismo genético del sexo.

Proyectos en curso con financiación específica

DGICYT PB92-0951. Estudio sobre los mecanismos de reversión sexual en nuevas especies de mamíferos: II Análisis molecular de genes implicados en el determinismo del sexo.

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

Carnero, A., Jiménez, R., Burgos, M., Sánchez, A., Díaz de la Guardia, R. The synaptic sequence in hydroxyurea-treated spermatocytes of *Pitymys duodecimcostatus* (Rodentia, Microtidae). Cytogenetics and Cell Genetics 56: 69-73, 1991.
Burgos, M., Jiménez, R., Sánchez, A., Díaz de la Guardia, R. Restriction enzyme banding and in

situ nick translation on different types of hetero and euchromatin. Experimental Cell Research 202: 545-548, 1992.

Burgos, M., Jiménez, R., Sánchez, A., Sinclair, H., Alarcón, F.J., Marín, J.J., Ortega, E., Díaz de la Guardia, R. Fertile females of the mole *Talpa occidentalis* are phenotypic intersexes with ovotestes. Development 118: 1303-1311, 1993.

GRUPO DE GÉNETICA MOLECULAR

Responsable: Manuel Ruiz Rejón (Titular) C.electr.: mrejon@ugr.es

Miembros que participan:

José Carmelo Ruiz Rejón (Titular)
Rafael Lozano Ruiz (Titular Univ. Almería)
Manuel Jamilena Quesada (Ayudante Univ. Almería)
Manuel Angel Garrido Ramos (Becario Postdoctoral)
Roberto de la Herranz (Becario Convenio)

Línea(s) de Trabajo

Análisis molecular de los cromosomas sexuales y supernumerarios de plantas.
Estudios citogenéticos y moleculares en la Familia Sparidae (Pisces).

Proyectos en curso con financiación específica

DGICYT PB92-9640. Estudio de las relaciones filogenéticas de la familia Sparidae mediante análisis del ADN ribosómico y del ADN satélite. Junta de Andalucía. Convenio de cooperación 328. Desarrollo de nuevas técnicas de manipulación genética en peces.

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

Jamilena, M., Ruiz-Rejón, C., Ruiz-Rejón, M. A molecular analysis of the origin of the *Crepis capillaris* B chromosome. Journal of Cell Science 107: 703-708, 1994.
Garrido-Ramos, M.A., Jamilena, M., Lozano, R., Ruiz-Rejón, C., Ruiz-Rejón, M. Cloning and characterization of a fish centromeric satellite DNA. Cytogenet Cell Genet 65: 233-237, 1994.
Garrido-Ramos, M.A., Jamilena, M., Lozano, R., Cárdenas, S., Ruiz-Rejón, C., Ruiz-Rejón, M. Cytogenetic analysis of gilthead seabream *Sparus aurata* (Pisces, Perciformes), a deletion affecting the NOR in a hatchery stock. Cytogenet Cell Genet 68: 3-7, 1995.

GRUPO DE GENÉTICA MOLECULAR

Responsable José L. Oliver Jiménez (Titular) C.electr.: oliver@ugr.es

Línea(s) de Trabajo

Análisis teórico de secuencias de ADN.

Proyectos en curso con financiación específica

DGICYT PB93-1152. Estructura composicional del genoma: correlaciones entre las posiciones próximas y lejanas de las secuencias de ADN. Proyecto coordinado con la Universidad de Sevilla y subvencionado por la DGICYT.

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

Martínez-Zapater, J.M., Marín, A., Oliver, J.L. Evolution of base composition in T-DNA genes from *Agrobacterium*. *Molecular Biology and Evolution* 10 (2): 437-448, 1993.

Oliver, J.L., Marín, A., Martínez-Zapater, J.M. Maize chloroplast gene transfer to nucleus.

Biotechnology in Agriculture and Forestry Vol 25: 431-444 Springer Verlag, 1994.

Oliver, J.L., Bernaola-Galván, P., Guerrero-García, J., Román Roldán, R. Entropic profiles of DNA sequences through chaos-game derive images. *Journal of Theoretical Biology* 160 457-470, 1993.

BLOC DE NOTAS

12th Chromosome Conference

San Lorenzo del Escorial, Madrid
11-15 de Septiembre de 1995

Secretaría: Dra. M^a Jesús Puertas, Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad Complutense, 28040 Madrid.

Fax 91-3944844, teléfono 91-3945044

European Symposium on Photomorphogenesis in Plants

Sitges, Barcelona.
9-13 de julio de 1995

Tópicos que incluye: Blue-UV light photoreception, phytochrome properties and phytochrome genes,

photoregulation of gene expression, signal transduction in photomorphogenesis, photocontrol of plant growth, photomorphogenesis in lower plants, photomorphogenesis in natural condition

Conferencias plenarias: Pill-Soon Song, Harr Smith, Peter H. Quail, Francesco Lenci, Eberha Shafer, Winslow R. Briggs, Eduardo Zeiger Gareth I. Jenkins.

Contactar con:

Dra. Carmen Bergareche, Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Biología, Diagonal 645, 08028 Barcelona.

Fax 93-4112842, teléfono 93-4021464

CARTAS AL EDITOR

Boletín Electrónico de la SEG

Se han recibido varias cartas sobre problemas de comunicación con el Boletín Electrónico y aprovecho el momento para contestar a todas. El sistema de conexión se ha de realizar mediante el protocolo GOPHER. Los usuarios de Macintosh pueden usar el programa TURBOGOPHER, realizado para Macintosh por la Universidad de

Minnesota, de donde se puede obtener libremente accediendo a través de INTERNET.

Para otros ordenadores (también para Macintosh) se puede utilizar el Gopher instalado en el ordenador central de cada Universidad. Al acceder al ordenador central de cada centro, teclear: GOPHER PIZARRO.UNEX.ES y tras unos segundo aparecerá el

menú principal de Gopher de la Universidad d Extremadura. En el número dice: "3. Boletín Electrónico d la SEG", tecleando el 3 se accede al menú de nuestro Boletín.

Cualquier modificación que desees realizar o comentario envíamelo por correo electrónico a AJIME@BA.UNEX.ES

INSTRUCCIONES PARA LAS COLABORACIONES

Todas las colaboraciones cuya extensión sea superior a **200 palabras**, deberán enviarse en disco de 3,5 pulgadas o por correo electrónico a **Alfonso Jiménez Sánchez, Dpto. de Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de Extremadura, 06080 Badajoz. Fon y fax 924-274657, Correo electrónico AJIME@BA.UNEX.ES**

Puedes colaborar en este Boletín enviando cualquier escrito comentando cualquier cosa que te interese, dando tu opinión sobre cualquier tema relacionado con la Genética, con la SEG, con la Universidad, planes de estudio, proyectos, oposiciones, y cualquier cosa que creas puede interesar a la mayoría Sobre todo

nos interesa conocer pronto las convocatorias de plazas, becas, puestos de trabajo, congresos, reuniones. Si tienes algún invitado ilustre que podría ser invitado por otros, indícanoslo lo antes posible. Toda la información que incluya fechas de celebración serán incluidas, además, en el Boletín Electrónico para su acceso más rápido.

Siempre serán muy bien recibidas las informaciones sobre nuevas técnicas y sus aplicaciones, trucos nuevos sobre técnicas viejas, nuevas ideas sobre prácticas 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 (Prof., 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)

- | | | |
|--------------------------------------|---|--|
| <input type="checkbox"/> Universidad | <input type="checkbox"/> Organismo público de investigación | <input type="checkbox"/> Empresa privada |
| <input type="checkbox"/> Hospital | <input type="checkbox"/> Organismo privado de investigación | <input type="checkbox"/> Otro (indicar) |

FUNCIÓN PROFESIONAL

- | | | | |
|-----------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------|---|
| <input type="checkbox"/> Profesor | <input type="checkbox"/> Investigador | <input type="checkbox"/> Médico | <input type="checkbox"/> 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)