

Especialistas españoles comentan los últimos **premios Nobel de Física y de Química**, otorgados por trabajos relacionados con **partículas elementales** y con la **fotosíntesis**, respectivamente. El Simposio Internacional sobre **Ingeniería del conocimiento**, celebrado en Madrid esta semana, permite vislumbrar las posibilidades de los sistemas expertos.



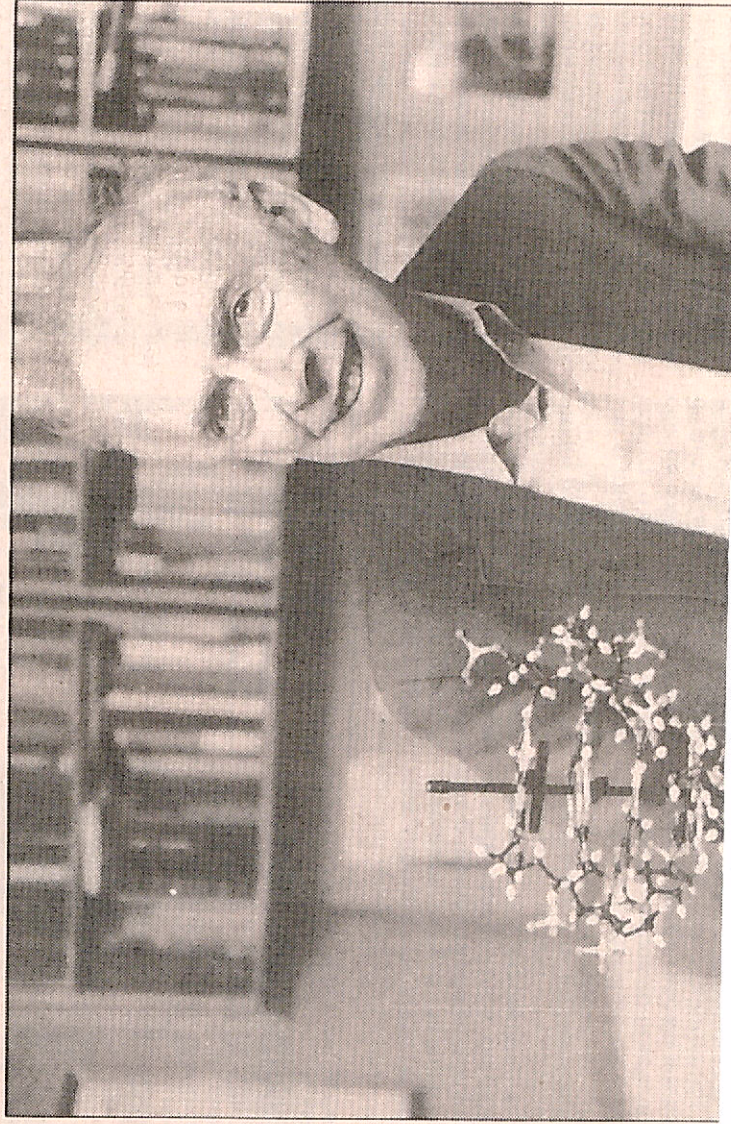
CERN
Vista parcial del nuevo acelerador de partículas LEP que se construye en Ginebra.

El genoma humano

Un análisis complejo, apasionante y de alcance universal

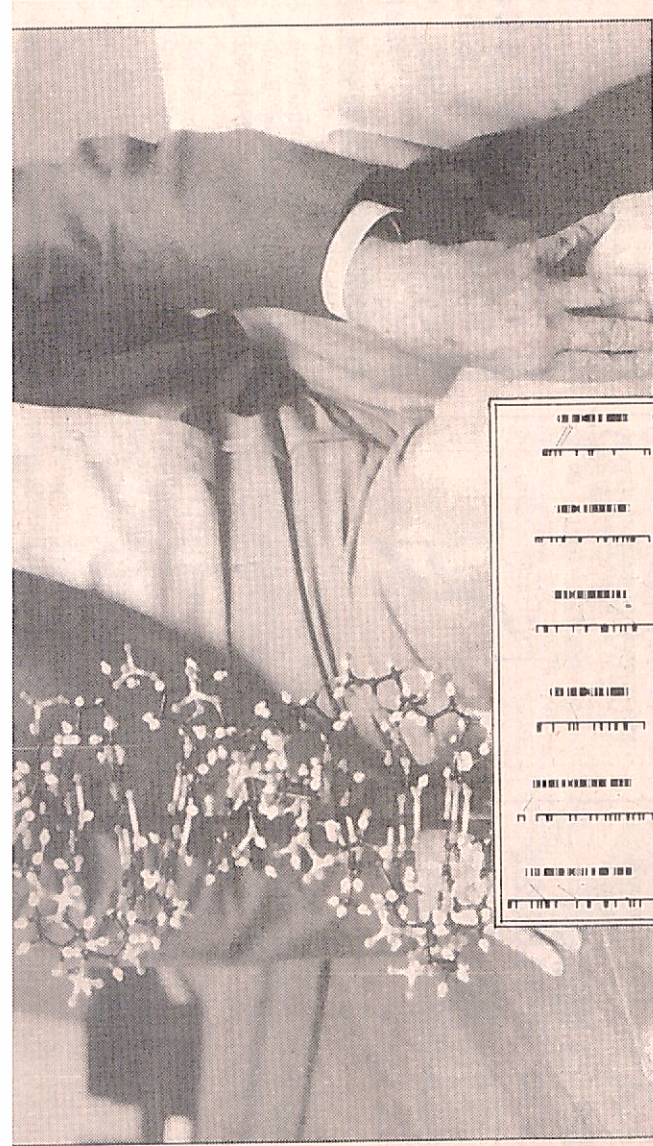
PERE PUIGDOMENECH
La decisión de realizar el mapa y la secuenciación completa del genoma humano, el mayor proyecto jamás emprendido en biología, parece estar ya tomada. Proyectos en este sentido están siendo definidos en Estados Unidos, Japón y Europa. Y a las primeras dudas que estos proyectos habían suscitado ha seguido un interés creciente tanto por parte de investigadores científicos como por el público en general. Ello es debido al interés intrínseco del programa, pero también por la magnitud en sí del proyecto y su alcance universal.

El genoma humano es el conjunto de genes que posee un individuo humano. Desde hace más de 40 años se sabe que existe un soporte químico para los genes y que se trata del ácido desoxirribonucleico (ADN). En este la información está escrita de forma lineal, dando lugar a una cadena



Reunión de alto nivel en Valencia

M. R. E.
Las vías para lograr la cooperación internacional en el proyecto del genoma humano y sus implicaciones médicas y éticas serán discutidas en el seminario que con este fin, y con una nutrida representación internacional, comienza mañana en Valencia. Unos 200 científicos, entre ellos varios premios Nobel, tienen prevista su asistencia a este seminario, que se prolongará hasta el miércoles y ha sido promovido por la Generalitat y por la Fundación Valencia y por la Fundación Avanzados, cuyo secretario es el científico Santiago Grisolia, y cuenta con el patrocinio de algunas empresas privadas y entidades públicas. Algunos genetistas españoles consultados han admitido haber acogido con cierta reticencia la reunión, debido a que los organizadores no se han distinguido ha-



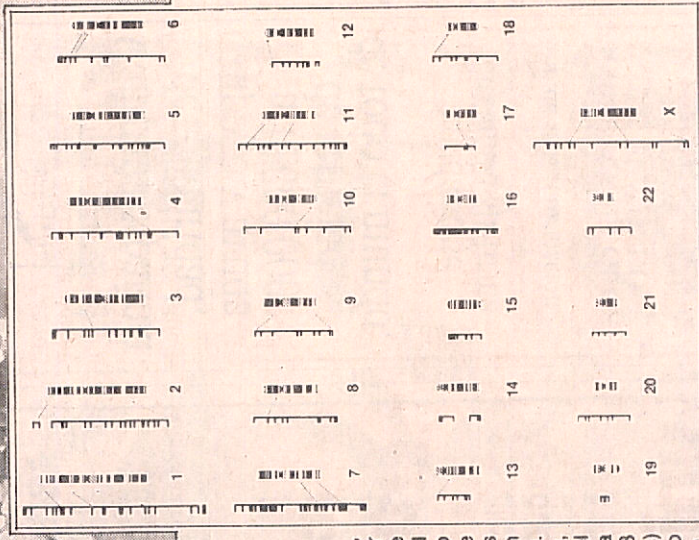
MARTY HEITNER

nombrados nucleótidos (designados por las cuatro letras A, T, G, C) que van formando una secuencia. Esta consiste, pues, en una sucesión ordenada de los cuatro nucleótidos. De esta forma se almacena la información que define las funciones de las células de cualquier organismo vivo. Conocer la secuencia completa del genoma humano quiere decir llegar a conocer la información que los padres transmiten a los hijos a través de su ADN. En esta secuencia se encuentran los genes en los que están muchos de los elementos que determinan la vida de un individuo.

Afectar a la vida

Saber cómo esta información es-crita en el ADN se convierte en funciones biológicas y cómo éstas afectan a la vida de los individuos es y será, sin duda, uno de los objetivos esenciales de los investigadores que trabajan en biología molecular. De todas formas, se trata de una información de interés suficiente como para que uno de los argumentos esgrimidos en Estados Unidos a favor de tales proyectos haya sido el de que, si se puede hacer, hay que hacerlo. Y en este sentido, el proyecto ha sido presentado a la opinión norteamericana como un reto comparable al de la llegada del hombre a la Luna.

La discusión sobre estos proyectos tuvo curiosamente su origen hace un par de años en una iniciativa del Departamento de Energía de Estados Unidos. El famoso laboratorio de Los Álamos, propiedad de este departamento, gestiona uno de los dos grandes bancos de datos de secuencias de ADN existentes en el mundo, el GenBank. En éste, como en el equivalente europeo



James D. Watson, premio Nobel por su descubrimiento de la doble hélice del ADN, ha sido encargado de coordinar los esfuerzos en Estados Unidos. Abajo, representación del mapa del genoma humano (23 cromosomas) hecho público el año pasado.

gestionado por la EMBO (Organización Europea de Biología Molecular), se almacenan todas las secuencias de ADN de cualquier organismo que, en número creciente, se publican en cual-

una elección obvia fue la especie humana.

La propuesta desencadenó una polémica basada en varias razones. Para unos, el proyecto era prematuro, ya que con la actual tecnología implicaría un enorme trabajo de secuenciación. Piénsese que se está hablando de conseguir el listado ordenado de unos 3.000 millones de nucleótidos. Las actuales metodologías permiten que un técnico bien entrenado obtenga alrededor de uno o dos millares de nucleótidos por día. Ello quiere decir varios años de trabajo de muchos laboratorios.

Pero es que antes de secuenciar hay mucho trabajo para conseguir los fragmentos listos para obtener la secuencia. Este trabajo es una de las etapas más interesantes del proyecto.

Pasa a la página siguiente

El *mapeo*, la secuenciación, las técnicas de clonado y manipulación de ADN y los objetivos y evolución del proyecto del genoma humano serán los temas a tratar en Valencia. Grisolia, como promotor de la reunión, ha señalado que el plazo para tener la tecnología necesaria para poder acometer el proyecto del genoma humano en su totalidad es de unos cinco años y que esta tecnología surgirá precisamente de la decisión de atacar el proyecto y de la cooperación internacional en él.

“Es un campo apasionante y todavía con muchas incógnitas”, señala Grisolia. “Yo soy químico enzimático, pero si ahora fuera joven y pudiera elegir, me dedicaría al estudio genético”.

José Hernández, miembro del comité organizador, ha señalado, por su parte, que las cuestiones éticas más profundas se plantean ante las posibles aplicaciones de la información genética para alterar la transmisión de las características genéticas, el talento humano o el comportamiento social del hombre. Los planteamientos al respecto son muy variados.

BIOLOGÍA

Viene de la **página anterior**

Hay que tener en cuenta además que las metodologías de aislamiento y secuenciación de grandes fragmentos de ADN están progresando muchísimo y se esperan progresos mayores dentro de poco tiempo. Una técnica reciente permite separar grandes fragmentos (de millones de nucleótidos, algo equivalente a pequeños cromosomas), mientras que los primeros instrumentos para la secuenciación automática del ADN acaban de salir al mercado.

Por otra parte, muchos tenían miedo de que la financiación que sería necesaria para este gran proyecto, del orden de los miles de millones de dólares, retiraría fondos de los actuales programas de investigación. Piénsese, por ejemplo, que en el campo de las bases moleculares del cáncer se han realizado progresos enormes en los últimos años; parece obvio que la continuación de estas investigaciones es algo verdaderamente esencial.

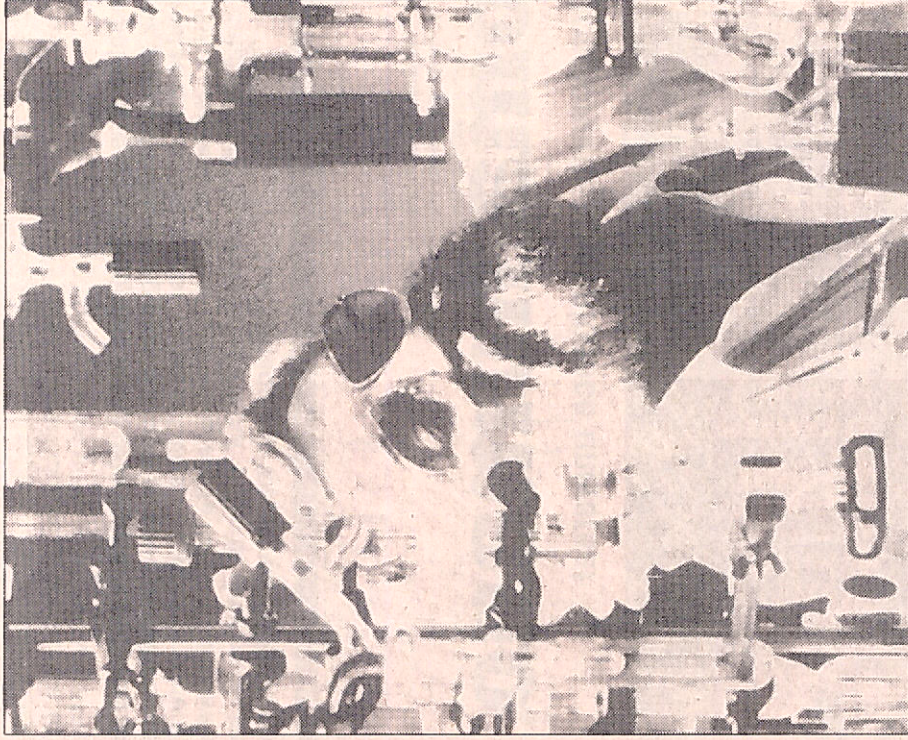
Para llegar a la secuenciación total del genoma hay dos etapas previas que son por sí mismas de gran interés; una es el *mapeo* de los genes sobre el genoma. Esto quiere decir localizar el mayor número posible de genes los unos con respecto a los otros. En particular, teniendo en cuenta que el genoma humano está distribuido en 23 pares de cromosomas, *mapear* los genes quiere decir saber en qué cromosoma se encuentran y a qué distancia los unos de los otros. De esta forma se puede llegar a conseguir un *mapa* de los cromosomas con genes que actúan de marcadores a lo largo de ellos.

La vía clásica para *mapear* un

mientos debería permitir llegar a localizar marcadores génicos sobre los cromosomas lo suficientemente cercanos como para que, una vez localizado un gen cualquiera, se disponga de un marcador conocido a pequeña distancia de él. Esto puede ayudar a realizar otra etapa de gran interés, que es la de conseguir fragmentos solapantes de ADN que cubran todo el ADN humano. Esta es, sin duda, una etapa previa a la secuenciación. Hace pocos meses se publicó el aislamiento de un conjunto de fragmentos del ADN de una bacteria, *Escherichia coli*, que cubren la práctica totalidad de su genoma. Se está trabajando en lo mismo en levaduras y, sin duda, sería importante tenerlo en humanos. El programa europeo denominado Medicina Predictiva propone atacar estas dos etapas previas, desarrollar las metodologías y llevar a cabo una secuenciación limitada. El programa americano se propone llegar más allá y secuenciar todo el genoma.

Aplicaciones

Aparte del interés básico que puede tener el análisis del genoma humano hay varios aspectos aplicados que van a ser afectados por sus resultados. En este momento hay detectadas más de 4.000 enfermedades congénitas en humanos que proceden de defectos en un único gen. Se calcula que estas enfermedades llegan a afectar alrededor de un 2,5% de la población europea. Se trata de enfermedades tales como la hemofilia, la mucoviscidosis, la distrofia de Duchenne, etcétera. Se sabe también que hay elementos genéticos que determinan par-



EL PAÍS
Las nuevas técnicas permiten pensar en poder acelerar el proceso de *mapear* y secuenciar el genoma humano.

Los aspectos de diagnóstico y prevención son importantes, pero también se espera que van a ir apareciendo nuevos genes que intervienen en el control del crecimiento celular o en los mecanismos para la defensa de las células. Al igual que ha ocurrido con el interferón como sustancia antiviral o el TPA para la disolución de coágulos, puede tratarse de sustancias de un interés extra-

ordinación entre laboratorios y

fuerzos norteamericanos, y foros de discusión entre distintos países. En el caso de un país como España, en el que hasta la fecha, salvo error u omisión involuntaria, a pesar de disponer de grupos excelentes en biología molecular y en genética y citogenética humana, no se ha publicado la secuencia de un solo gen humano hasta la fecha, el unirse al tren de esta nueva aventura implica necesariamente la colaboración internacional.

Mar de ADN

¿Y después qué? Está claro que el *mapeo*, fragmentación y secuenciación del genoma humano va a producir un alud de información totalmente indigerible en primera instancia. Durante el trabajo va a ser necesario desarrollar nuevas metodologías, entre las que no van a ser las menos importantes las ligadas al *software* necesario para tratar la información. Van a aparecer dificultades y sorpresas. Por ejemplo, los 50.000 o 100.000 genes humanos, que por ahora parecen tener un tamaño medio de entre 1.000 y 20.000 nucleótidos, están inmersos en un mar de ADN de función desconocida y que para algunos no tiene ninguna. Estas secuencias van a suponer una barrera a la secuenciación, ya que muchas de ellas son secuencias que se repiten hasta millares de veces en el genoma. Por otra parte, el punto de partida es muy limitado. En este momento hay únicamente unos 200 genes que pueden relacionarse con malformaciones congénitas que han sido identificados y aislados. El trabajo posterior va a ser real-

menos tres grandes proyectos: el norteamericano, muy ambicioso, de secuenciación total; el europeo, más restringido, y el japonés denominado Fronteras Humanas, más dirigido a producir tecnología. En la conciencia de todos está que una competencia en esta cuestión sería absurda, por ello han ido apareciendo personalidades como J. D. Watson, que va a coordinar todos los es-

macéutica. Ello abre, sin duda, cuestiones importantes acerca de quién va a tener acceso a la información que se consiga con estos programas. Hasta ahora se trata de una información accesible a cualquiera, pero si se quiere rentabilizar la inversión es comprensible que se quiera convencer a la participación en el programa a compañías que querrán un acceso restringido a los resultados

entre los miembros de familias con un número de individuos suficientemente grande. El conseguir datos genéticos de un buen número de familias es, por tanto, de gran importancia. En este sentido, cuando se habla de genes puede entenderse o bien caracteres que pueden observarse en los individuos o bien fragmentos de ADN previamente aislados. El mapeo utilizando ambos procedi-

mientos, como las tumora-les, las cardiovasculares o la diabetes, sin hablar de las mentales. Con el conocimiento de los genes implicados se está consiguiendo ya ahora un diagnóstico prenatal eficaz y un diagnóstico de portadores no afectados por la enfermedad. Por otra parte, es muy posible que este conocimiento indique nuevas vías de tratamiento de muchas enfermedades.

Pere Puigdomènech pertenece al departamento de Genética Molecular, Centro de Investigación y Desarrollo CSIC.



UNIVERSIDAD NACIONAL DE EDUCACIÓN A DISTANCIA

ESCUELA DE LA EDIFICACION

ABIERTO EL PLAZO DE MATRÍCULA PARA EL CURSO 1988-89

ESTUDIOS SUPERIORES DE LA EDIFICACION

DIRIGIDO A APAREJADORES, ARQUITECTOS, INGENIEROS, ARQUITECTOS TÉCNICOS Y EN GENERAL A GRADUADOS DE PRIMER CICLO UNIVERSITARIO

ASIGNATURAS

PRIMER CURSO

- 1º semestre. EXÁMENES: febrero y septiembre.
 - CÁLCULO ESTRUCTURAL
 - MECÁNICA DE FLUIDOS-C.G.-FONTANERÍA Y SANEAMIENTO.
 - CLIMATIZACIÓN I-CALEFACCIÓN.
- 2º semestre. EXÁMENES: junio y septiembre.
 - CLIMATIZACIÓN II-ACONDICIONAMIENTO DE AIRE.
 - ESTRUCTURAS DE HORMIGÓN ARMADO.

SEGUNDO CURSO

- 1º semestre. EXÁMENES: febrero y septiembre.
 - INSTALACIONES ELÉCTRICAS E.I. DE TRANSPORTE.
 - ORGANIZACIÓN, P.P. ASPECTOS GENERALES-EQUIPOS O.
 - ESTRUCTURAS VARIAS.
- 2º semestre. EXÁMENES: junio y septiembre.
 - REHABILITACIÓN Y RESTAURACIÓN, SEGURIDAD EN LA E.
 - ELEMENTOS DE LA EDIFICACION.

SEMESTRE COMPLEMENTARIO

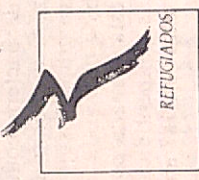
EXÁMENES: febrero y junio

- MECÁNICA DEL SUELO Y CIMENTACIONES. ● ESTRUCTURAS METÁLICAS.

ENSEÑANZAS A DISTANCIA CON EXÁMENES EN 52 CENTROS ASOCIADOS DE LA U. N. E. D.

Las solicitudes deberán presentarse en la ESCUELA DE LA EDIFICACION. Calle Maestro Victoria, 3. 28013 Madrid.

Información: De 9 a 13 horas, de lunes a viernes. Tels.: 91 / 531.87.00 - 531.87.09. CONTESTADOR AUTOMÁTICO (información las 24 horas del día): 91 / 531.31.69.




Campana española de solidaridad, apoyo y ayuda a 12.000.000 de refugiados de todo el mundo.

Solidarícese enviando su firma.

Pida más información.

CAMPAÑA REFUGIADOS EN EL MUNDO

General Perotti, 32-2º.
Tel. (91) 455 42 69.
28020 Madrid.



CURSO:

«LA DIRECCION DE RECURSOS HUMANOS Y SUS RELACIONES CON LOS EQUIPOS DE TRABAJO»

DIAS: Madrid, 7-8-9-10 y 11 de Noviembre.
HORARIO: De 9 a 14 y de 16 a 19 horas (40 horas).
ASISTENTES: Máximo 16 personas.

DIRIGIDO A: - Directores. - Supervisores. - Mandos intermedios.

OBJETIVOS:

- Obtener un Conocimiento Global sobre las distintas técnicas y materias que se contemplan en la Dirección de Personal o de Recursos Humanos.
- Lograr una perfecta labor de coordinación entre la Dirección de Personal y los Responsables Directos de los Equipos de Trabajo respecto de las Relaciones laborales existentes en cada Centro Productivo.

METODOLOGIA:

- Sistema de Trabajo Ordenado y Operativo, representado mediante gráficos, Organigramas y otros esquemas que permitan asimilar fácilmente los distintos temas.
- Resolución de Casos y Supuestos Hipotéticos mediante el análisis desde una perspectiva global.

MODULOS DEL PROGRAMA:

- 1.- La legislación Socio-Laboral aplicada a la Empresa.
- 2.- Políticas y Procedimientos o Normas sobre Relaciones Laborales.
- 3.- Análisis sobre diversos factores que se utilizan en el «Departamento de Compensación Salarial».
 - 3.1.- La Valoración de Puestos de Trabajo.
 - 3.2.- La Evaluación del Desempeño y la Planificación de las Carreras.
 - 3.3.- Encuestas Salariales de otras Empresas competidoras.
 - 4.- La negociación Colectiva.
 - 5.- Memoria o Balance Social.

INFORMACION E INSCRIPCION:

ALTA GESTION

FORMACION

C/ Gral. Yague, 10 - 28020 Madrid. Tf.: 455 53 53 - FAX: 597 17 96