

# 1.- La 'ingeniería genética', ¿es ingeniería? Algunas observaciones críticas a las bases científicas de la 'Ingeniería Genética'

Lluís Botinas i Montell,  
Coordinador ejecutivo PLURAL-21,  
Asociación para el cuidado de la vida en un planeta vivo

## Introducción

Desde hace más de veinticinco años tiene lugar un cierto debate acerca de las llamadas Nuevas Tecnologías, en particular de las Biotecnologías, cuya clave es la 'Ingeniería genética', la cual es presentada como su paradigma. En efecto, la 'Ingeniería genética' fue, y sigue siendo, mostrada como el compendio de conocimientos más avanzados sobre la vida. Al mismo tiempo, y como consecuencia de ello, es ofrecida como la solución de los problemas más graves de la humanidad, en especial de la enfermedad y del hambre. Por esto voy a centrar esta ponencia en dicha 'Ingeniería genética'.

Probablemente la elección del sustantivo, 'Ingeniería', de la denominación finalmente adoptada, 'Ingeniería genética'<sup>1</sup>, para esta nueva técnica buscaba intencionadamente que la población depositase su confianza en quienes hacen tamañas promesas.

Porque, por un lado, ¿puede haber algo más sólido, más reproducible, más previsible, más controlable, más garantizado, en una palabra, más confiable y seguro, que una ingeniería? Y, además, ¿puede existir algo más beneficioso para todo y para todos, y para el ser humano en particular, que la aplicación de esta "ingeniería tan rigurosa" a la genética, es decir, a lo que se consideraba, y se sigue considerando, como la ciencia que conoce la clave de la vida?<sup>2</sup>

Por otro lado, y puesto que la ingeniería aparece como la aplicación de un conocimiento científico previamente demostrado<sup>3</sup>, en este caso también la nueva técnica se

---

<sup>1</sup> Al respecto, sería significativo saber cómo se configuró y se acabó seleccionando la expresión "Ingeniería genética". Dicho nombre también es indicativo del enfoque (mecánico, fabril, industrial, de "caminos, canales y puertos", incluso militar) con que los pioneros (muchos de ellos, físicos) se aproximaron a la Genética

<sup>2</sup> De hecho, estos físicos pasaban de un determinismo a otro: del atómico al genético. Visto que el secreto de la vida no se hallaba en los entresijos del átomo que habían desmenuzado y aprendido a romper, buscaban, y siguen buscando, dicho secreto en el ADN. De ahí el nombre de *Los nuevos redentores* (Anthropos, Barcelona, 1987) dado por el Dr. José Sanmartín a su libro, pionero en España de la crítica a (como reza el subtítulo) "la ingeniería genética, la sociobiología y el mundo feliz que nos prometen". Desde hace lustros, nadie puede negar el grave peligro para la humanidad y para la Tierra generado por la ingeniería atómica. Pero, ¿qué consecuencias puede tener lo llamado 'Ingeniería genética'?

<sup>3</sup> En realidad, y en contra de lo que creen no sólo el imaginario social sino incluso la inmensa mayoría de los propios ingenieros, la ingeniería no es una simple aplicación de la ciencia sino que es un conocimiento inventivo,

presenta como respaldada por la Ciencia Genética<sup>4</sup>, parte suprema de la Biología, la cual ha relevado a la Física como ciencia privilegiada del conjunto de la Ciencia, que a su vez es, tras la postulada “muerte de Dios”, la principal fuente de verdad del Occidente moderno.

La denominación ‘Ingeniería genética’ se apoyaba, pues, doblemente en el imaginario social establecido. De esta forma la nueva empresa aparecía desde el inicio con un importante peso ideológico y con un alto grado no sólo de interés sino de aceptación social... y financiera.

Quizá sea ésta la principal explicación de que el debate realmente existente sobre la ‘Ingeniería genética’ tenga (casi siempre) un sesgo que reduce enormemente su alcance. Suele haber acaloradas discusiones acerca de si es ético o no utilizar (alguna de las aplicaciones de) la ‘Ingeniería genética’. Pero (normalmente) ambos bandos dan por sentado que la ‘Ingeniería genética’ funciona bien técnicamente, es decir, ambas partes aceptan plenamente que es una ingeniería. Las discrepancias se centran en si ya puede o no aplicarse, en si ya hay o no pruebas suficientes de su seguridad, en si debe o no establecerse una moratoria,... Todo se reduce, pues, a una cuestión de ritmos. Es una discusión, digamos, cuantitativa. Y sus resultados poco pueden cambiar la situación.

Sin embargo, el debate podría tener un carácter decisivo si se abordase lo que, apoyándose en unos cuantos investigadores<sup>5</sup>, considero lo central: cuáles son las bases científicas de la ‘Ingeniería genética’. O, dicho de otra manera, abordando si son o no adecuadas las pretensiones de ser ingeniería que tiene la ‘Ingeniería genética’. Así la discusión se vuelve cualitativa. Y sus consecuencias, también, por lo que quizás podría girar toda la situación... si ello se viese necesario.

La forma más correcta que hoy conozco de abordar el tema es la siguiente: I.- Asomarnos primero a la complejidad de la información genética; II.- Ver después cuáles son las premisas científicas de la ‘Ingeniería genética’ y evaluar su validez; III.- A continuación, acercarnos con cierto detalle a algunas de sus aplicaciones en varios campos a fin de precisar mejor qué ocurre y qué puede esperarse de dichas aplicaciones; y, IV.- Finalmente, sacar algunas conclusiones... provisionales.

---

puesto que pone en la realidad cosas nuevas que antes no existían y que, por lo tanto, no podían ser objeto de estudio científico previo. La propia ‘Ingeniería genética’ es un claro ejemplo de ello pues está produciendo gran cantidad de organismos totalmente nuevos, a los que se conoce con el acrónimo OMG (Organismos Manipulados Genéticamente). Acerca del carácter inventivo de la ingeniería, ver la tesis doctoral en Antropología del Dr. Arcadio Rojo *Inventión ingeniera, inventión social*, presentada en la Universidad de Carnegie Mellon (Pittsburg, Estados Unidos), donde estudia la tribu de los inventores de la ‘inteligencia artificial’, encabezada por los Drs. Herbert Simon, Alan Newel, Alan Perlis y otros. Un resumen de dicha tesis se halla en *Inventión informática y sociedad* (revista *Anthropos*, nº 164, Barcelona, enero 1995).

<sup>4</sup> Por el contrario, veremos que los avances de la Ciencia Genética más bien desautorizan a la ‘Ingeniería genética’.

<sup>5</sup> Sobre todo en el biólogo, virólogo y genetista alemán Dr. Stefan Lanka, al que traduje en los tres cursillos sobre “Ingeniería genética: Ilusión y realidad” que, organizados por mi asociación, impartió en Barcelona (dos, los fines de semana 30-31/5/98 y 21-22/11/98) y en Bilbao (uno, el 28-29/11/98), cursos de unas 20 horas (los dos de Barcelona están disponibles en vídeo; casi todos los datos o afirmaciones que en la ponencia no tienen referencia, están sacados de estos vídeos). Y también en el libro “Ingeniería genética: ¿Sueño o pesadilla?” (Gedisa, Barcelona, 2001) de la Dra. Mae Wan Ho, y en artículos del Dr. Barry Commoner. Esta ponencia también contiene muchos elementos obtenidos de los cursos y de los escritos del médico alemán Dr. Heinrich Kremer, cuyos enormes conocimientos científicos y médicos van acompañados de un corazón igualmente grande.

Y como último previo antes de entrar en materia, aclarar que, por mi parte, lo que sigue es una primera contribución a un debate de fondo sobre la 'Ingeniería genética'. Incluso si en algún momento el tono no lo indicase adecuadamente, debe tenerse presente que es preciso afinar mucho más lo aquí –y también lo allí– formulado. De ahí la provisionalidad de las conclusiones...

### 1.- Complejidad de la información genética

Como veremos a continuación, la complejidad de la información genética del ser humano es inmensa. Pero es importante tener presente que esta complejidad es tan sólo una consecuencia y, al mismo tiempo, una componente de la complejidad del cuerpo humano y, aún más, de todo el ser humano. Ésta, a su vez, se incluye en, y refleja la, complejidad de la red de la vida en el planeta Tierra, que a su nivel expresa y forma parte de la complejidad de nuestra Galaxia y de nuestra Existencia, incluidas ambas en todo el Universo. Ni más ni menos. O, mejor dicho, no menos aunque probablemente mucho más.

Precisemos primero, y de una forma simplificada adecuada al desarrollo de esta ponencia, a qué llamo "información genética". Se trata *básicamente*<sup>6</sup> de la capacidad que tienen codificada los dos ácidos nucleicos, el ADN y el ARN, de dar instrucciones para el funcionamiento de la célula (y, a través de ella, y junto con otros factores, del tejido, y del órgano, y del cuerpo).

ADN es la abreviación de Ácido Deoxirribonucleico, y está constituido por un doble filamento dispuesto en forma de hélice. Además de asegurar que las dos células hijas tengan la misma información genética que la célula madre, probablemente la principal función del ADN sea dirigir, por intermediación del ARN, la formación de proteínas. Es ampliamente conocido que el ADN forma los cromosomas que se hallan en el núcleo celular, lo que se denomina ADN-nuclear o ADN-cromosómico. Es menos conocido que también las numerosas mitocondrias de cada célula contienen ADN, lo que se llama ADN-mitocondrial.

ARN es el acrónimo de Ácido Ribonucleico, y se extiende en un único hilo. Además de su importante papel en la formación de proteínas, quizá su capacidad cualitativamente más significativa sea la de autotransformarse en ADN, una de cuyas aplicaciones es contribuir a reparar parte de los errores o daños que sufra el ADN cromosómico. Las mayores concentraciones de ARN se encuentran en el citoplasma que envuelve al núcleo de las células.

Ambos ácidos nucleicos están formados por cuatro letras genéticas, pero mientras que tres son comunes (A<sup>7</sup>, C y G), la cuarta es distinta: T para el ADN, U para el ARN. Muchas de las propiedades del ADN dependen de la complementariedad que existe entre sus dos filamentos debido a que sus cuatro letras genéticas (A, C, G y T) sólo pueden

---

<sup>6</sup> Este "*básicamente*" deja abierta la puerta a incluir dentro de "información genética" el sistema de enzimas (y quizá otras moléculas y mecanismos) cuya interacción es clave para la expresión de los dos ácidos nucleicos, y también para "decidir" cuál de sus posibles traslaciones se haga realidad, y cuáles sean las características funcionales de la molécula –p. ej, proteína– resultante.

<sup>7</sup> Las cinco letras genéticas corresponden a las iniciales de los nombres de los correspondientes nucleótidos: A de Adenina; C de Citosina; G de Guanina; T de Timina; U de Uracilo.

enlazarse o unirse dos a dos: la A con la T y la C con la G. Así, delante o complementaria de una A siempre habrá una T, y viceversa; y enfrente de una C siempre se encontrará una G, y viceversa.

Se dice que las cuatro letras del ADN constituyen el *alfabeto genético*; que la combinación de cada tres de dichas letras constituye una *palabra genética*; y que la lectura de estas palabras genéticas se hace mediante un *lenguaje genético universal*, es decir, un mismo código común a todos los seres vivos, sean unicelulares o pluricelulares.

Hechas estas precisiones, veamos a continuación *algunos* elementos de la complejidad de la información genética *humana*:

- 1.- nuestro cuerpo consta de unos cien billones (¿cien mil millones? <sup>8</sup>) de células,
- 2.- en cada una de dichas células están en marcha en cada momento unas diez mil reacciones bioquímicas que se influyen simultáneamente unas a otras,
- 3.- la mayoría de estas diez mil reacciones que tienen lugar en cada célula en cada momento son aceleradas (catalizadas) por unas dos mil enzimas,
- 4.- estas dos mil enzimas constituyen parte de las cincuenta mil proteínas que tiene cada célula,
- 5.- la información genética para que se forme, por ejemplo, una proteína relativamente sencilla como la  $\beta$ -globulina se considera que está codificada en varios trozos (exones) del material genético (ADN) de un mismo cromosoma, exones que están separados en el cromosoma por trozos de ADN (intrones) que no contienen información genética conocida y que están intercalados entre los exones,
- 6.- para muchas proteínas, la información genética proviene de exones situados en cromosomas distintos,
- 7.- los exones necesarios para la formación de una proteína se van poniendo uno a continuación de otro formando el ARN-pre-maduro, del que van siendo apartados los intrones,
- 8.- el paso de este ARN-pre-maduro a ARN-mensajero exige, además de la traslación del ADN en ARN, el acabar de deshacerse de los intrones,
- 9.- el ARN-mensajero sale del núcleo para ser captado e interpretado por unos 'aparatos' llamados ribosomas que van sucesivamente leyendo cada tres letras genéticas y las traducen en la adición respectivamente de un determinado aminoácido, constituyéndose así, bloque a bloque, las cadenas de aminoácidos llamadas proteínas.

Este proceso en una célula es aún más complejo puesto que:

- a) en realidad, el lenguaje genético no es universal, lo cual significa, entre otras cosas<sup>9</sup>, que la lectura que el ribosoma hace de un mismo ARN-mensajero depende de cómo

<sup>8</sup> He encontrado un amplio abanico de cifras. La diferencia que dejo en el aire corresponde a la posibilidad del tan generalizado error que consiste en traducir el *billion* americano por el *billón* español, cuando en realidad sólo significa *mil millones*. En cualquier caso, sea cien billones o sea cien mil millones, la cifra es astronómica.

<sup>9</sup> Creer que el código genético es universal se basa en que el ADN está constituido por los mismos cuatro nucleótidos en todo ser viviente, y supone que el gen será capaz de producir la proteína particular que se le atribuye en cualquier lugar en que se encuentre, aunque, como se da por sentado en la 'Ingeniería genética', sea una especie diferente viviendo en condiciones muy dispares. Veremos que esta suposición no tiene base alguna. Entre otras razones, el supuesto carácter universal queda negado por el hecho de que está documentado que por lo menos el ADN-mitocondrial y el ADN de los protozoos ciliados emplean códigos propios distintos.

está la célula y de las condiciones que la rodean, por lo que la misma información genética puede dar lugar a proteínas distintas en función de la situación del contexto;

b) un mismo gen puede producir numerosas proteínas distintas debido a que pueden producirse empalmes distintos (alternative splicing) de los fragmentos en que es susceptible de dividirse la secuencia original, codificando cada variante o isoforma de fragmentos una proteína distinta. Se calcula que un gen que primero se creía que sólo codificaba una proteína del oído interior de polluelos, puede dar lugar a 576 proteínas distintas<sup>10</sup>. Aunque el récord lo tiene por ahora la mosca de la fruta, uno de cuyos genes puede generar hasta 38.016 variantes<sup>11</sup>;

c) desde 1977 se sabe que hay genes superpuestos: un gen codifica dos proteínas distintas, de manera que la lectura de la segunda proteína comienza en una zona intermedia del gen y continúa hasta el final, de forma que el segundo mensaje produce una proteína totalmente distinta a la formada a partir de la primera parte del gen<sup>12</sup>;

d) la célula puede producir proteínas para las que no existe información genética en sus cromosomas;

e) la información genética interacciona con el medio ambiente tanto de la célula como del cuerpo;

f) si esta complejidad es para obtener una proteína, es difícil imaginarse –y más aún precisar y localizar– la complejidad implicada en características simples (como el color de los ojos o del cabello), y no digamos ya en componentes del carácter (ansiedad, por citar un ejemplo del que se habló recientemente) o de la personalidad (como la homosexualidad, cuyo “gen causante” se pretende periódicamente haber localizado);

g) ni con los ordenadores más potentes se puede predecir la evolución de una complejidad traducida en un sistema de numerosas ecuaciones en las que intervienen millares de variables interdependientes, como ocurre en la realidad de cada célula y, muchísimo más, en la del conjunto del cuerpo;

h) si además de este nivel fisiológico se incluye cómo repercuten en la célula los niveles bioenergético, mental, emocional, psíquico, consciente, anímico, espiritual, etc., queda claro que sólo la propia vida es capaz de regular tamaño complejidad celular;

i) se considera que el 90 % del ADN no contiene información, y se le llama “rubbish-DNA”, es decir, “ADN-basura”. Pero que los genetistas no sepan por ahora qué papel tiene esta mayor parte del ADN, no implica que no pueda tener algún papel;

j) etcétera.

Además, al aproximarse a la realidad de cada uno de los 23 pares de cromosomas que tiene cada célula humana, se captan cosas como que:

A) un cromosoma es una molécula de ADN larguísima (estirada alcanzaría unos cuatro centímetros) que contiene tres mil millones de pares de letras genéticas;

B) es tan larga que, para no romperse y para que estos cuatro centímetros puedan colocarse dentro del núcleo celular junto a los 45 cromosomas restantes, tiene que autoenroscarse numerosas veces en torno a unas proteínas de sostén llamadas histonas;

<sup>10</sup> Black DL. “Splicing in the inner ear: a familiar tune, but what are the instruments?” *Neuron*. 1998. 20(2):165-8.

<sup>11</sup> Schmucker D et al. “Drosophila Dscam is an axon guidance receptor exhibiting extraordinary molecular diversity”. *Cell*. 2000 Jun 9; 101(6):671-84.

<sup>12</sup> Dra. Ho, pg. 130 del libro mencionado, “Ingeniería genética: ¿Sueño o pesadilla?”, Gedisa Editorial, Barcelona, 2001.

C) no se puede secuenciar<sup>13</sup> un cromosoma entero. En primer lugar, porque las técnicas de secuenciación existentes sólo permiten secuenciar trozos pequeños (a lo sumo, de unos pocos miles de letras genéticas), por lo que hay que romperlo en varios cientos de miles de trozos. Pero, además, al estar enroscado en las histonas, los especialistas tienen que quitar dichas proteínas y, al hacerlo, cada cromosoma aún se rompe por más lugares<sup>14</sup>. Entonces se secuencian cada trocito y luego se tienen que ir pegando trozo a trozo las subsecuencias obtenidas, lo cual inevitablemente es fuente de numerosos errores<sup>15</sup>;

D) los dos hilos de cada cromosoma (el proveniente de la madre y el proveniente del padre) están intercambiando continuamente información entre sí;

E) distintas partes de un mismo cromosoma están intercambiando constantemente información entre sí;

F) distintas partes de distintos cromosomas están intercambiando permanentemente información entre sí;

G) el núcleo de la célula tiene la propiedad biológica de tender a asimilar a su interior, e incluso a incorporar a sus cromosomas, el material genético que se encuentra a su alcance en el exterior, lo cual, por ejemplo, incluye el ADN contenido en lo que comemos;

H) el ADN cromosómico no es responsable de toda la gran cantidad de ARN que contiene el citoplasma celular;

I) el ARN tiene capacidad de replicarse a sí mismo y, además, de traducirse en ADN (autoretrotranscripción), siendo a menudo estos trozos de nuevo ADN formado por transcripción inversa a partir de trozos de ARN los que son usados por el importantísimo sistema de autoreparación que tiene el ADN nuclear, mecanismo que permite reparar los daños, mutaciones, etc., que continuamente ocurren en los cromosomas;

J) cada una de los cientos de mitocondrias que tiene cada célula es una bacteria que, además de ser el pulmón celular que produce en su cadena respiratoria, y a partir del oxígeno, la energía imprescindible para la vida en forma de la molécula ATP, tiene su propio ADN. De este ADN-mitocondrial depende casi un millar de proteínas que son enviadas al núcleo celular e intervienen decisivamente en la programación de la información genética nuclear y en su eventual traducción efectiva;

K) etcétera.

Y la complejidad de los niveles celular o, como máximo, individual hasta aquí *parcialmente* mencionados, debería completarse con la complejidad de los niveles sociales (familiares, laborales, urbanísticos,...), políticos, económicos, ecológicos, planetarios, galácticos, sutiles, sagrados, etc., que necesariamente influyen a, e interaccionan con, lo explicitado.<sup>16</sup>

<sup>13</sup> Secuenciar una molécula es determinar el orden exacto en que están sus componentes. En el caso del ADN, el orden en que están las letras genéticas constituyentes. En el caso de una proteína, el orden de sus aminoácidos.

<sup>14</sup> Son cuatro centímetros de una molécula enormemente frágil, no de un hilo de seda o de nylon.

<sup>15</sup> Errores a los que hay que sumar los errores causados por las limitaciones intrínsecas de la propia técnica de secuenciación; ver más adelante, al hablar del 'Genoma humano'.

<sup>16</sup> Esta enorme complejidad ya nos indica que las pruebas genéticas para enfermedades, seguros, paternidades, delitos, huella genética,..., no son muy fiables. Probablemente lo máximo para lo que pueden servir es para negar o descartar, pero no para afirmar o responsabilizar. Es decir, si los trozos de ADN testados—no se testa todo el ADN, no sólo porque sería muy caro y tomaría mucho tiempo, sino porque es técnicamente imposible—son claramente distintos de los considerados responsables de una enfermedad, o del eventual hijo, o de la sangre o de la piel encontrada

## 2.- Las bases científicas de la 'ingeniería genética'

Definiciones del tipo:

\* "Gen: Unidad de material hereditario que ocupa un *locus*<sup>17</sup> definido en un cromosoma" ("Diccionario terminológico de ciencias médicas" Salvat, 1974),

\* "Gen: Factor hereditario que consta de un fragmento corto de ADN cromosómico y que tiene un efecto particular sobre el fenotipo<sup>18</sup>. Se considera que el fragmento de ADN tiene la información para la síntesis de una proteína o de una cadena polipeptídica" ("Henderson, diccionario de términos biológicos", Alhambra, 1984),

\* "Gen: Unidad básica de material genético situado en un determinado lugar de un cromosoma. Originariamente se le consideraba como la unidad de herencia y mutación, pero en la actualidad el gen se define como un fragmento de ADN que actúa como la unidad que controla la formación de una única cadena de polipéptidos" ("Diccionario Médico Teide", 1998),

significaron en su momento una cierta aproximación -cambiante- a la realidad, pero probablemente ya no tienen validez alguna.

Hoy en día un genetista riguroso difícilmente hablará de que 'el gen responsable de...' "ocupa un *locus* definido en un cromosoma" o de que está "situado en un determinado lugar de un cromosoma", ni de que lo contiene "un fragmento corto de ADN cromosómico". Y ello es debido a que los avances<sup>19</sup> en los propios conocimientos de Genética superan estos enfoques estrechos y fijos. La definición de qué es un gen se va haciendo cada vez más compleja. Y resulta mucho más difícil delimitar cuál es su localización. Y aún más saber cómo mejorarlo, repararlo, cambiarlo o eliminarlo. Por cierto, cada una de estas operaciones, ¿en una célula, en varias, en muchas o en todas?

Los elementos de complejidad señalados en la primera parte apuntan a que, como dice la Dra. Ho, "El gen responsable de la producción de una proteína no tiene una definición funcional o estructural precisa. Se encuentra disperso a través del genoma, e interactúa con los otros genes igualmente indefinidos. Dado que su expresión -la síntesis de una proteína- es también sensible a las condiciones fisiológicas y ambientales prevalientes, el gen está en última instancia disperso en todo el organismo en su marco ecológico"<sup>20</sup>.

Probablemente esto permite comprender que hasta hace poco se hablase de que el ser humano tiene entre 100.000 y 120.000 genes, que el anuncio en junio del 2000 del supuesto "desciframiento del genoma humano" fuese seguido de una drástica reducción

---

en el lugar del suceso, o de otra huella, se puede afirmar, respectivamente, que la persona no tiene la predisposición a tal enfermedad, o no es el padre, o no es el asesino o el delincuente. Pero, en cambio, aunque hubiese una gran o incluso una total coincidencia entre las dos secuencias utilizadas de ADN, no se puede -y, en consecuencia, no se debería- decir que tendrá tal enfermedad, o que es el padre, o que es el asesino o el delincuente. En efecto, por un lado, los trozos no testados pueden ser distintos; pero, por el otro, hay las limitaciones técnicas intrínsecas de la hibridación señaladas más adelante, en el apartado sobre "los tests genéticos".

<sup>17</sup> Es decir, un lugar, una posición, un trozo.

<sup>18</sup> "Características de un organismo debidas a la interacción entre las características genéticas o genotipo y el ambiente"

<sup>19</sup> El Dr. Lanka resumía uno de los significados de estos avances diciendo que "En Genética, cada vez hay más excepciones y menos reglas".

<sup>20</sup> Dra. Ho, página 134.

a unos 30.000 genes, y que últimamente se haya subido la cifra a unos 50.000. Y estos importantes cambios se han hecho sin dar explicación alguna. Cada vez el especialista de turno suelta con desparpajo y con aparente seguridad su cifra en multitudinarias ruedas de prensa, pero en ningún caso explicita —y parece que ningún periodista le pregunta ni nadie le pide— los criterios que cada equipo utiliza para definir qué es un gen y para qué sirve, ni para contarlos ni, menos aún, para localizarlos. Eso sí, todos subrayan que los avances hechos son, sin duda, importantísimos. Pero casi todos añaden a continuación que, lamentablemente, aún se tardará bastantes años en saber en qué se traduce cada uno de estos genes en el ser humano, con lo que cada presentación de un supuesto avance suele acabar con una afirmación que quita contenido real a la ‘Ingeniería genética’ que pretende reforzar... De todas formas, la manera cómo por ahora los medios de comunicación tratan estas conferencias de prensa se suele traducir en un aumento del valor de las acciones de la empresa que ha convocado la rueda de prensa, y, lo que quizás es más importante, refuerza en el imaginario social la confianza en las promesas futuras de la ‘Ingeniería genética’.

Pero, ¿qué es la ‘Ingeniería genética’?

Salvat-74 aún no lo incluye. Henderson-84 explica “Manipulación experimental del ADN (o ARN) de diferentes especies que produce ADN-recombinante, el cual incluye algunos genes de diferentes especies”. Monsanto Agricultura España definía el 8/1/2001: “Conjunto de técnicas utilizadas para introducir un gen extraño (heterólogo) en un organismo con el fin de modificar su material genético y los productos de expresión”.

Parece, pues, que el punto clave es que debe tener lugar la formación de un nuevo ADN, llamado ADN-recombinante. Este ADN-recombinante se halla alojado en el ADN de la especie receptora y está formado por el ADN que ya tenía esta especie receptora más el gen (o genes) añadido(s) desde el exterior procedente(s) del genoma de la especie que tiene la capacidad de elaborar la proteína o la característica o la propiedad deseada<sup>21</sup>.

Para que un proceso así pueda ocurrir, la ‘Ingeniería genética’ da por supuesto que:

1.- Se tiene bien localizado en el núcleo celular de una especie dónde está el gen completo que contiene la información genética necesaria-y-suficiente para que los individuos de esta determinada especie elaboren una proteína precisa o tengan una determinada característica o propiedad.

2.- Se puede extraer intacta esta información genética de uno o más de los núcleos celulares de los individuos de dicha especie.

3.- Se puede multiplicar sin error alguno esta información genética extraída, de manera que se obtenga la cantidad necesaria para pasarla a uno o varios o muchos individuos de otra especie.

4.- Se sabe introducir perfectamente desde el exterior dicha información genética en el interior de los miembros de la otra especie, de forma tal que la información genética introducida se desplace dentro del organismo receptor hasta encontrar la información genética nuclear de una o más de las células del huésped.

5.- La información genética recién llegada se relacionará adecuadamente —es decir, sin producir perturbaciones, roturas, cambios, mutaciones..., en el ADN receptor, y

<sup>21</sup> Queda al margen, pues, la ‘Ingeniería de tejidos, de estructuras, de prótesis,...’, que no se basa en manipulaciones genéticas. Lo mismo ocurre con la inseminación artificial y otras biotecnologías, reproductivas u otras, que no incluyan formación y uso de ADN-recombinante.



sin, al mismo tiempo, modificarse ella misma— con la información genética nuclear de cada una de las células de los individuos de la especie receptora a las que llegue<sup>22</sup>.

6.- La información genética incorporada podrá dar órdenes, en el contexto de la información genética de la especie receptora, para que este contexto nuevo recién configurado haga lo mismo que la información genética incorporada ordenaba hacer en el contexto de su propia especie. Es decir, los resultados de la orden genética en la especie receptora serán exactamente los mismos que ocurrían en la especie original.

7.- La información genética incorporada sólo aportará la propiedad o característica que se pretende que aporte, y nada más.

8.- El ADN-recombinante que resulte se perpetuará en la especie receptora generación tras generación, y además lo hará sin que le ocurran cambios. Se supone que el paso del tiempo no afectará a la información genética incorporada, pues si hubiese una modificación, no podría ser normalizada al no tener dicha información genética incorporada mecanismos de autoreparación propios, que sí tiene la información genética receptora.

9.- La información genética modificada introducida en una especie, de ninguna manera puede pasar a otra especie (es decir, no ocurrirá lo que técnicamente se llama “transferencia horizontal”).

Las bases científicas que permiten a la ‘Ingeniería genética’ suponer que todos estos presupuestos se puedan cumplir, son las tres siguientes:

1.- El protagonismo total y único lo tiene el ADN;

2.- Rige la concatenación establecida a inicios de los años cincuenta, y que fue oficialmente denominada Dogma Central de la Genética: el flujo de información genética va unidireccionalmente en el sentido ADN → ARN → proteína (o, más implicación todavía, ADN → ARN → propiedad o característica);

3.- El único ADN que cuenta es el de los cromosomas del núcleo, es decir, el ADN-nuclear o ADN-cromosómico.

Pero probablemente se pueda legítima y científicamente objetar:

Ante 1.- Cada vez se está dando más relevancia biológica al ARN. Teorías recientes formulan que el ARN incluso fue anterior al ADN, y que el ADN sería una de las consecuencias de la vital actividad del ARN y de toda la célula<sup>23</sup>. (Al respecto, leer apartados H) e I) anteriormente citados).

Ante 2.- En 1971 se observó experimentalmente tanto en virus (Drs. Howard Temin y David Baltimore) como en bacterias (Dr. Mirko Beljanski) que la información también puede ir del ARN al ADN, o sea, ARN → ADN<sup>24</sup>. Posteriormente se ha ido comprobando la interacción del ADN y del ARN con las proteínas y demás elementos contextuales, así como incluso medioambientales externos no sólo a la célula sino a todo el organismo. Las dos flechas unidireccionales se han convertido en un complejo juego de bucles. Esto

<sup>22</sup> Si la información genética incorporada perturbara la existente, la especie receptora dejaría de ser la que era o podría degenerar o incluso extinguirse. Y si la información genética incorporada fuese o quedase modificada, no se produciría el efecto deseado.

<sup>23</sup> “Retroelements, reverse transcriptase and evolution”, Andrew J. Flawell, *Comp. Biochem. Physiol.*, Vol. 1108, No 1, pp. 3-15, 1995. “A little help for my ends”, Jef D. Boeke, *Nature*, Vol. 383, 17/10/96.

<sup>24</sup> Es lo que se llamó transcripción inversa o retrotranscripción.

es lo que se llama Nueva Genética, la cual, entre otras cosas, habla de un “genoma fluido y adaptable”<sup>25</sup>.

Ante 3.- La probable existencia de una “Herencia citoplasmática”. En paralelo a la configuración de la corriente dominante de genetistas que fueron desarrollando la visión “Mendeliano-cromosómica” de la “Herencia nuclear”, otros genetistas formaron la corriente “Herencia citoplasmática”, es decir, postularon la existencia en el citoplasma celular que rodea al núcleo de información genética importante. La teoría de la “Herencia citoplasmática” compitió por tener la hegemonía dentro de la Genética<sup>26</sup> con distintos vaivenes según lugares y épocas, pero actualmente está prácticamente marginada de la enseñanza académica y de la industria genómica. Una formulación drástica de esta segunda corriente afirmarí que “el citoplasma del óvulo es el responsable principal de las características ‘fundamentales’ del organismo, es decir, de aquellas características que distinguen los grupos taxonómicos superiores. De acuerdo con este enfoque, la herencia mendeliana o nuclear es responsable sólo de diferencias relativamente triviales. Los genes mendelianos añadirían los toques finales del organismo, tales como el color de los ojos o del cabello, o la altura.”. La formulación drástica de los genetistas nucleocéntricos podría ser: “El citoplasma puede ser genéticamente ignorado”. Pero el “monopolio nuclear” no está en absoluto demostrado sino cada vez más cuestionado. Además, el que la “Herencia citoplasmática” esté marginada no implica que no pueda tener parte o incluso toda la razón.

En cualquier caso, hay un componente ya incuestionable de esta “Herencia citoplasmática”: el ADN-mitocondrial. En 1988 se logra separar las mitocondrias del resto de la célula, y esto permite estudiarlas por separado. Se ve entonces que no son unos orgánulos celulares más entre las numerosas variantes que de ellos existen, sino que en realidad son bacterias que están viviendo simbióticamente dentro de nuestras células (endosimbiosis). Como está apuntado en la primera parte, estas bacterias tienen, por un lado, la tarea clave de formar la molécula energética básica (el ATP), y, por otro, a su ADN se le suponen 37 genes. Teniendo presente que cada célula tiene cientos de mitocondrias (algunas, como las hepáticas, más de mil), resulta que el ADN-mitocondrial suma en cada célula casi tantos genes como el ADN-nuclear, sobre el que, como se ha señalado, ejerce una importante influencia<sup>27</sup>.

<sup>25</sup> Esta realidad biológica de que el ADN pueda recibir influencias tanto de dentro de la propia célula como de su exterior (de otras moléculas, de procesos biológicos, de alimentos, etc.), abre la posibilidad de ocasionar mejoras del ADN por caminos que nada tienen que ver con las fantasiosas promesas de la ‘Ingeniería genética’. De hecho, la técnica de injertos o implantes aplicada durante milenios, es un ejemplo en general no explícitamente reconocido de ello. Pero también son ejemplos la superación de problemas de salud atribuidos a causas genéticas lograda administrando agua de mar en hospitales franceses en la primera mitad del siglo XX; o la mejora de plantas con formas de agricultura como la Permacultura o como la propuesta por el japonés Fukuoka; o las considerables mejoras logradas en niños con Síndrome de Down -llegando en caso de bebés incluso a la práctica desaparición de los rasgos monogénicos- por medio de la Técnica Metamórfica; u otros de los que aún no he tenido conocimiento.

<sup>26</sup> Para una detallada exposición de esta pugna, ver *BEYOND THE GENE. Cytoplasmic Inheritance and the Struggle for Authority in Genetics*, Jan Sapp, Oxford University Press, 1987. Las dos citas siguientes son de la página xiii de la Introducción a dicho libro.

<sup>27</sup> Teniendo presente que: 1) Las mitocondrias se transmiten exclusivamente por vía materna; 2) el ADN-mitocondrial no tiene mecanismos de autoreparación como los que sí tiene el ADN-nuclear, por lo que se acumularán las mutaciones que sufra; 3) los antibióticos están concebidos para matar bacterias; 4) está documentado que muchos antivirales dañan a las mitocondrias; 5) otros factores (radiaciones, quimioterapia,...) también perjudican a las

Luego las tres bases científicas de la 'Ingeniería genética' son altamente cuestionables. Pero, además, en la práctica de la aplicación de la 'Ingeniería genética', al hacer una manipulación genética ocurre que:

1) es imposible predecir el lugar en que acabará situándose el trozo de material genético manipulado que se introduce en una planta o animal portando, supuestamente, la información genética que se pretende introducir;

2) la integración de dicho material genético manipulado en un lugar de un cromosoma produce cambios y destrozos no sólo en el lugar de inserción y sus cercanías sino también en zonas alejadas del mismo cromosoma o de otros, y puede llegar a romper el cromosoma;

3) se ha visto que, como es bio-lógico, los mecanismos de reparación del ADN-nuclear receptor detectan al nuevo ADN incorporado como error o como extraño, con lo que actúan contra él, con el probable resultado de modificarlo;

4) se ha encontrado que ADN extraño que se hallaba en alimentos genéticamente manipulados ingeridos, se ha incorporado al aparato digestivo<sup>28</sup> e incluso a las células sexuales masculinas<sup>29</sup>;

5) en numerosos casos ha habido transferencia horizontal del material genético incorporado a una especie, hacia otras especies;

6) la manipulación genética de una población de una especie ha provocado la extinción involuntaria de dicha población.

Esto, junto con los elementos al inicio expuestos acerca de la complejidad de la herencia genética, más los interrogantes sobre las tres bases científicas de la 'Ingeniería genética', acaba de hacer altamente cuestionables los mencionados nueve presupuestos para que pueda funcionar la 'Ingeniería genética'.

Acabo esta segunda parte añadiendo:

I) Un argumento técnico general: Las técnicas de biología molecular utilizadas (multiplicación de material genético, hibridación, marcaje, secuenciación, PCR,...) en la investigación, experimentación y fabricación de todo lo relacionado con la 'Ingeniería genética', son muy sofisticadas y caras. Pero que sean muy sofisticadas y caras no implica que sean muy exactas. Dichas técnicas tienen unas limitaciones intrínsecas inevitables que hacen que, también inevitablemente, haya errores (más adelante pongo varios ejemplos). Y casi siempre estos errores inevitables se van acumulando.

II) Un argumento biológico o, más exactamente, biológico-técnico: Hoy en día los datos se obtienen de experimentos hechos no en personas, ni en animales libres y sanos, ni siquiera en animales encerrados, superhibridados y enfermos (como se hacía antes de la Segunda Guerra Mundial), sino de experimentos realizados en cultivos de células pertenecientes a unas líneas celulares anormales especiales<sup>30</sup> que además son sometidas

---

mitocondrias; y 6)...; no es de extrañar que los pediatras estén detectando nuevas enfermedades infantiles, a las que llaman mitocondriales, que son involuntariamente transmitidas por las madres a sus fetos.

<sup>28</sup> "Fremde DNA im Säugersystem", W. Doerfler, Deutsche Ärzteblatt 94, 22-12-1997.

<sup>29</sup> "Suffer the children", Nell Boyce, New Scientist, march 1998.

<sup>30</sup> Resultado de un largo proceso de selección en función de su maleabilidad y de su funcionalidad precisamente para la ejecución de experimentos en los laboratorios.

a unas condiciones aún más anormales<sup>31</sup> que no pueden existir en el interior de un cuerpo humano, por intoxicado, enfermo y degenerado que esté. Porque en un cuerpo humano, por deteriorado que esté, mientras viva sigue habiendo una complejidad infinitamente mayor, sigue la actividad de unas funciones inmunológicas, homeostáticas, hormonales, etc., por desequilibradas que se encuentren. Además, siguen presentes unos componentes no físicos que en manera alguna pueden recoger los experimentos de los laboratorios con cultivos celulares. De hecho, hasta varios días después de su muerte<sup>32</sup> el ser humano es una complejísima unidad (relacionada con un entorno aún más complejo) con la que poco significativo tiene que ver lo que ocurra en las probetas del laboratorio más sofisticado y caro del mundo.

Y estos datos obtenidos de células anormales sometidas a condiciones que las hacen aún más anormales, a continuación son introducidos en ordenadores donde son extrapolados, tabulados, corregidos, etc., con unos programas informáticos diseñados por los propios experimentadores, o por colaboradores o ayudantes subordinados. Lo que finalmente los ordenadores concluyen, adecuadamente aderezado, es lo que se pretende que ocurre en el interior del complejísimo cuerpo de un aún más complejo ser humano. Y cada vez más, estos “avances” se dan a conocer por medio de conferencias de prensa sin que antes se haya publicado ni un sólo artículo científico que pretenda avalar lo que se transmite a la población, e incluso sin ni siquiera haber celebrado una reunión con colegas de otros centros<sup>33</sup> que puedan criticar o apoyar lo que se hace público. O sea que cada vez más es la “verdad mediática y social” la que se convierte en casi inamovible “verdad científica y médica” mundial.

### 3.- Algunas aplicaciones de la ‘ingeniería genética’

Teniendo presente lo anterior, veamos ahora algunas precisiones más respecto a cinco aplicaciones:

#### 3.1.- “Alimentos transgénicos”

El tema ya es cuantitativamente importante puesto que “en sólo los últimos cinco años tales cultivos transgénicos han ocupado en los EE.UU. el 68 % de la superficie destinada a soja, el 26 % de la de cereales y más del 69 % de la extensión de algodón”<sup>34</sup>.

---

<sup>31</sup> Se añaden agentes mitóticos que aceleran la división celular, productos oxidativos, colorantes, marcadores radiactivos, etcétera.

<sup>32</sup> Es una aberración más de la modernidad occidental enterrar a los muertos en unas 24 horas tras el fallecimiento. No por oficialmente desconocidas dejan de ser importantes las consecuencias que tiene que tener el haber dejado de aplicar los tradicionales ritos funerarios...

<sup>33</sup> Que por lo menos desde fines de los setenta, cuando en Estados Unidos se empieza a permitir patentar descubrimientos científicos, han dejado de ser colegas para convertirse en peligrosos competidores que pueden quedarse con los beneficios, con los royalties, con los premios, con el reconocimiento, etc.

<sup>34</sup> Informe presentado el 29 de junio del 2001 por el National Agriculture Statistics Service, el Agricultural Statistics Board y el Department of Agriculture de los Estados Unidos.

Y ya en 1999 “la superficie mundial dedicada a cultivos transgénicos ocupaba 39,9 millones de hectáreas en doce países”<sup>35</sup>.

Aquí es clave tener presente que para introducir en una planta o en un animal el material genético manipulado deseado por los fabricantes, se tiene que utilizar unos interruptores genéticos durísimos, construidos normalmente a partir de virus que, al activarse, obligan a la célula a realizar —es decir, a ejecutar— la información genética contenida en el trozo extraño introducido. Además, al virus taxi o vector se le añade una ‘cola’ indestructible para evitar que el segmento que contiene la nueva información genética pueda ser eliminado (digerido) por los múltiples mecanismos de defensa del huésped, con lo que se perdería la posibilidad de que ocurra lo que los experimentadores o los agentes comerciales quieren que ocurra.

Teniendo en cuenta que no está determinado dónde puede detenerse el taxi, que la información que lleva es indestructible, y que los interruptores pueden activarse por distintas razones, los ‘alimentos transgénicos’ son portadores de auténticas bombas-de-relojería genéticas que pueden dispararse casi en cualquier momento y lugar con consecuencias imprevisibles.

Recordando la mencionada propiedad biológica de que el núcleo celular tiende a incorporar a su interior e incluso a sus cromosomas el material genético que tiene a su alcance (ver pág. 5, apartado G), es inevitable que las manipulaciones genéticas contenidas en los alimentos transgénicos acaben integrándose en cromosomas.

Y si aunque sólo un vector llega a un solo cromosoma de una sola célula reproductora que fecunde o sea fecundada, el hijo que nazca tendrá en todas sus células la información genética que transporte dicho vector. Ya un artículo publicado en 1998 informaba de que se había encontrado información genética manipulada en los espermatozoides de un hombre. El artículo se titulaba “Los niños sufrirán”, y transmitía el alivio producido porque, afortunadamente, este hombre murió sin engendrar ningún hijo (ver nota al final vii).

También en 1998 un experto en ‘Ingeniería genética’ en humanos respondía en una entrevista que la ‘Ingeniería genética’ no funciona en plantas o animales. Sin embargo, la seguía proponiendo para seres humanos sin dar razón alguna de porqué sí iba a funcionar correctamente en organismos más complejos lo que él mismo declaraba que no funciona en organismos más simples...<sup>36</sup>

La mencionada Dra. Ho dedica las páginas 184 y 185 de su libro a hacer una “Lista control de los peligros de la biotecnología agrícola”. Contiene seis “peligros para la salud humana y animal”, diez “peligros para la agricultura y la biodiversidad natural” y cinco “impactos socioeconómicos” negativos...

Pero más explicativos que una ardua lista son estos párrafos del Dr. Barry Commoner: El “dogma central de la genética es la base científica sobre la cual se sustenta la creencia en que cada año miles de millones de plantas transgénicas crecerán con la expectativa de que, en cada una de ellas, el gen extraño particular será fielmente replicado en cada

<sup>35</sup> Informe del International service for the Acquisition of Agri-Biotech Applications ante el Senado de Estados Unidos (Avui, 20-11-1999).

<sup>36</sup> “Da müssen wir vorsichtig sein”, entrevista al Dr. Hans Heidrich, del Instituto Max-Planck, en el periódico Süddeutsche Zeitung, 21 y 22-2-1998.

una de las miles de millones de divisiones celulares que tienen lugar a medida que cada planta se desarrolla; que en cada una de las células resultantes, el gen extraño codificará sólo una proteína con exactamente la misma secuencia de aminoácidos que codifica en su organismo original; y que a lo largo de esta saga biológica, a pesar de la presencia extraña, el complementario natural del ADN de la planta se replicará a sí mismo sin ningún cambio anormal en la composición. En una planta no modificada ordinaria, la exactitud de este proceso genético natural es el resultado de la compatibilidad entre su sistema de genes y sus igualmente necesarios sistemas mediados por proteínas. La relación armoniosa entre estos dos sistemas se desarrolla durante su cohabitación, en la misma especie, a lo largo de prolongados periodos evolutivos, durante los cuales la selección natural elimina las variantes incompatibles. En otras palabras, dentro de una misma especie, la exactitud de un resultado adecuado del complejo proceso molecular que da lugar a la herencia de características determinadas, está garantizado por muchos miles de años de puesta a prueba en la naturaleza.

El grado en que ocurren disrupciones genéticas en cultivos genéticamente manipulados, no es actualmente conocido porque no se requiere a la industria biotecnológica que proporcione a las agencias reguladoras ni siquiera la información más básica acerca de la composición real de las plantas transgénicas. Por ejemplo, no se exige test alguno que muestre que la planta realmente produce una proteína con la misma secuencia de aminoácidos que la proteína bacteriana original. Pero esta información es la única forma para confirmar que el gen transferido en realidad produce el producto teóricamente predicho. Es más, no se exigen estudios basados en un detallado análisis de la estructura molecular y de la actividad bioquímica que el gen extraño y su proteína producida tienen sobre el cultivo transgénico comercial. Y dado que pueden desarrollarse muy lentamente algunos efectos imprevistos, las plantas de estos cultivos también deberían ser monitorizadas en sucesivas generaciones. No se realiza ninguno de estos tests esenciales, y miles de millones de plantas transgénicas están creciendo con tan sólo el más rudimentario conocimiento acerca de los cambios que ocurren en su composición. Sin efectuar análisis detallados en los cultivos transgénicos, no hay forma de saber si aparecen consecuencias azarosas. Dado el fracaso del dogma central, no hay seguridad alguna de que no sea así. Los cultivos genéticamente manipulados que se están cultivando representan un masivo experimento incontrolado cuyos resultados son inherentemente impredecibles. Las consecuencias pueden ser catastróficas<sup>37</sup>. Luego este tema también es cualitativamente importante...

### 3.2.- *"Bacterias que producen gran cantidad de proteínas humanas baratas que son medicamentos para las personas"*

Una objeción fundamental a esta aplicación de la "ingeniería genética" es la siguiente: Las proteínas humanas (y las de plantas y animales) son tridimensionales, mientras que las proteínas bacterianas son lineales. La técnicamente llamada "estructura terciaria" —es decir, su disposición espacial— que tienen las proteínas humanas juega un papel determinante

---

<sup>37</sup> Commoner B. "Unraveling the DNA Myth. The spurious foundation of genetic engineering", pág. 12-13. Harper's Magazine. Feb 2002 [www.mindfully.org/GE/GE4/DNA-Myth-CommonerFeb02.htm](http://www.mindfully.org/GE/GE4/DNA-Myth-CommonerFeb02.htm)

en sus funciones, y en particular en todos los procesos inmunológicos<sup>38</sup>. Resulta, pues, que las bacterias cuya multiplicación se utiliza para obtener las proteínas humanas deseadas, no pueden dar a dichas proteínas que elaboran el carácter tridimensional específico de cada proteína humana. Esto hace inevitable que los ‘medicamentos’ obtenidos por biotecnología genética tengan graves efectos secundarios (alergias, otras reacciones autoinmunes, estimulaciones inmunológicas extra,...)<sup>39</sup>.

Además, puesto que esta obtención de grandes cantidades de proteínas-no-humanas-aunque-tengan-la-misma-secuencia-de-aminoácidos-que-las-proteínas-humanas se basa en la multiplicación de bacterias, aparecerá una limitación importante: La bacteria tiene una cantidad y una proporción determinadas de aminoácidos adecuadas para ejecutar la información genética necesaria para obtener las proteínas que la bacteria necesita, es decir, las suyas propias. Si se hace dividir artificialmente a la bacteria muchas veces para obtener muchos ejemplares de una proteína extraña, es probable que le falte alguno de los aminoácidos necesarios para cumplir al 100% la nueva tarea que se pretende que la bacteria cumpla. Si le faltan, los irá sustituyendo por aminoácidos distintos, con lo que las proteínas finalmente obtenidas no serán las que se quería obtener.

Lógicamente, estas posibles perturbaciones se sumarán a las derivadas de no tener sus características espaciales.

El ejemplo probablemente más importante es el de la obtención por manipulación genética de la llamada “insulina humana”. Este tema será abordado mañana en la ponencia –en gran parte complementaria– del Dr. Octavi Piulats, por lo que no entro aquí en ello.

### 3.3.- “Genoma humano”<sup>40</sup>

Mucho se ha hablado en las dos últimas décadas del “Proyecto Genoma Humano”, de su enorme presupuesto y de los anunciados grandes beneficios que su conocimiento iba a aportar a la humanidad, en particular en el campo de la medicina. Por fin, el 26 de junio del 2000, Clinton y Blair hicieron público, a bombo y platillo, que se había terminado el “desciframiento del genoma humano”, y formularon una nueva versión del Dogma Central de la Genética: “Estamos aprendiendo el lenguaje con el que Dios creó la vida humana”. El anuncio relanzó la promesa de que, entre otras cosas, dentro de poco se

<sup>38</sup> Esto pone un gran interrogante sobre los llamados ‘tests de anticuerpos’ utilizados para diagnosticar “enfermos de hepatitis”, o “de SIDA”, etc., ya que utilizan proteínas lineales. Por esta y por más razones, habría que establecer una moratoria en la aplicación de dichos tests.

<sup>39</sup> De ahí las peligrosas secuelas de la nueva insulina, a pesar de ser presentada como la más pura jamás lograda.

<sup>40</sup> En realidad, y por lo que he podido leer al respecto, en los tres ejemplos que siguen no hay formación directa y primera de ADN-recombinante y, por lo tanto, en rigor no se trata de ‘Ingeniería genética’ tal como yo mismo la he definido anteriormente. Pero me parece importante hacer unas consideraciones respecto cada uno de ellos porque: A) las aplicaciones de estas tres técnicas dan o puedan dar lugar, intencionadamente o no, a la formación de nuevo ADN; B) su abordaje permite entrar en el conocimiento de algunas de las importantes técnicas que son muy usadas en las biotecnologías en general y en la ‘Ingeniería genética’ en particular; y C) tienen un amplio eco y peso en el imaginario colectivo en relación con la ‘Ingeniería genética’, y a menudo a su favor. En todo caso, las siguientes tres aplicaciones forman plenamente parte de las Nuevas Tecnologías objeto de este Congreso, y confío en que contribuyan a su comprensión.

podrá actuar sobre el gen defectuoso supuesto responsable de tal o cual futura enfermedad, evitando así que llegue.

Al mismo tiempo, en la presentación realizada se resaltó que este conocimiento representaba un ataque mortal contra el racismo, ya que lo dejaba sin base científica alguna. En efecto, se había podido comprobar que no existen diferencias genéticas significativas entre las razas, pues “todos los seres humanos comparten el 99,8 % de la herencia (...) este insignificante 0,2 % es el que hace que seamos altos o bajos, rubios o morenos, fuertes o débiles, alegres o tristes, nerviosos o tranquilos. También es el que nos predispone para ciertas enfermedades. Simplificando mucho, de cada 500 genes, 499 son iguales para todos los seres humanos. No hay dos hombres iguales, pero todos somos prácticamente idénticos”<sup>41</sup> desde un punto de vista genético. Y, por cierto, lo mismo debe ocurrir entre los dos sexos: tampoco debe haber diferencias genéticas apreciables entre hombres y mujeres, pues el genoma que nos dicen haber descifrado es “el humano”...

También se ha ido haciendo público, en los sucesivos “desciframientos” de los genomas respectivos, que no hay grandes diferencias cuantitativas entre el genoma humano y el de una mosca o el de un gusano o el de un ratón<sup>42</sup>. Y aún menos con el de un cerdo, y poquísima con el genoma de un chimpancé<sup>43</sup>.

Parece bastante contradictorio el anunciar unos diagnósticos y unos tratamientos (operaciones, inserciones, cambios, medicamentos,...) individualizados, casi a la carta, y al mismo tiempo afirmar que no hay diferencias genéticas significativas entre blancos, negros, amarillos o cobrizos, ni entre los sexos, y muy pocas diferencias con una serie de animales...

Por cierto, debe ser esta falta de diferencias genéticas la que permite hablar de que han “descifrado el genoma humano”, en vez de, con mucha mayor humildad y rigor, decir que, en todo caso, se ha “secuenciado—que no descifrado<sup>44</sup>— el genoma resultado de combinar los genomas de un reducido número de humanos”, ya que lo que han presentado es una síntesis obtenida a partir de un número limitado de voluntarios<sup>45</sup>. Eso sí, se asegura que han usado las computadoras y los programas más potentes del mundo...

<sup>41</sup> El Periódico, 27-6-2000.

<sup>42</sup> “Pese a las evidentes diferencias que median entre el ‘rey de la creación’ y el humilde ratón, la evolución ha dotado a ambos organismos de un número similar de genes, algo más de 30.000, y un número parecido de nucleótidos, las letras con las que está escrito el código genético, unos 3.000 millones de pares. El logro en el 2000 del mapa del genoma humano, (...) reveló que a escala molecular los seres humanos no somos muy diferentes del ratón. Las diferencias, según los expertos en genética, podrían estar en las proteínas, ya que algunos genes pueden controlar a miles de ellas” (La Vanguardia, 6-7-2002).

<sup>43</sup> “Humanos y chimpancés comparten el 98,7 % del genoma. (...) La diferencia radica en el cerebro (...) podría obedecer a cómo se duplican o suprimen los genes o a cómo construyen las proteínas o son procesadas éstas (...) en el cerebro humano hay más expresiones genéticas y se generan más proteínas (...). (La Vanguardia, 12-4-2002).

<sup>44</sup> Es muy importante la diferencia entre “secuenciación” y “desciframiento” del genoma humano. Secuenciar significa determinar en qué orden están colocadas los tres mil millones de pares de letras genéticas de cada cromosoma del ser humano. Descifrar implica determinar qué genes componen el genoma, dónde están situados y qué función tiene cada uno. Y tras la espectacular presentación de junio del 2000, varios científicos declararon que pasarían años o décadas (y uno afirmó que incluso siglos) antes de poder llevar a cabo el desciframiento.

<sup>45</sup> En el caso del equipo de Celera, se hizo público que habían trabajado con cinco voluntarios (tres mujeres y dos hombres, de origen hispánico, asiático, caucasiense y afroamericano). Craig Venter dijo que “El concepto de raza no tiene fundamento genético alguno. Analizando los cinco genomas, es imposible determinar la etnia de cada uno”.



En rigor, para denominar correctamente a una lista de tres mil millones de pares de letras genéticas como “EL genoma humano secuenciado”, debería existir “EL ser humano”. Una lista así sólo podría corresponder como máximo a un determinado ser humano, y, mucho más probablemente, a ninguno real y concreto. Dos seres humanos distintos deberán tener algunas letras genéticas colocadas en orden distinto, con lo que la concreción de sus genomas respectivos también será distinta; luego sus sendas listas o secuencias diferirán una de la otra... si se hacen bien, o si verdaderamente significan algo real, biológico. Parece, pues, bio-lógicamente absurdo todo el Proyecto Genoma Humano. Absurdidad puesta de relieve por el hecho de que no aparece mención alguna de que el pertenecer a un sexo o al otro se manifieste en alguna diferencia en el genoma. O sea que, al parecer, han diseñado EL Genoma Humano Unisex...

Pero, además, probablemente el “Proyecto Genoma Humano” también sea técnicamente imposible. Es decir, incluso suponiendo que existiese “EL ser humano” y que su genoma fuese “El Genoma humano”, no se podría conseguir una lista fidedigna de sus tres mil millones de pares de letras genéticas.

En efecto, la técnica clave para efectuar el primer paso hacia obtener el desciframiento de cualquier “genoma humano” es la secuenciación, técnica utilizada para determinar en qué orden están en cada cromosoma las cuatro letras genéticas (A, C, G, T) que constituyen el alfabeto del ADN. Es decir, los tres mil millones de letras genéticas que forman cada filamento del cromosoma son sucesión de estas cuatro letras, y lo importante es en qué orden exacto están colocadas.

Pues bien, he aquí algunas limitaciones técnicas intrínsecas de la secuenciación:

1) Sólo pueden secuenciarse trozos pequeños de material genético. Si tengo hilos largos (como es el caso de los cromosomas), para secuenciarlos tengo que cortarlos en pedazos cortos, amplificarlos (es decir, hacer muchas copias; luego ahí incidirán además las limitaciones intrínsecas de la multiplicación de material genético) y finalmente secuenciarlos. Inevitablemente se cometerán errores en las zonas de ruptura primero y de pegado después.

2) El filamento con el que se trabaja depende mucho de las condiciones concretas en que se actúa en los laboratorios. Son moléculas muy frágiles y lábiles, y fácilmente pueden generarse variantes de lo que se quería secuenciar.

3) Es muy fácil que en el laboratorio ocurra lo que se llama ‘contaminación’ con el ADN de otros experimentos, con lo que se estaría secuenciando otra secuencia de ADN distinta de la que queríamos secuenciar. Para evitarlo, habría que repetir el proceso varias veces.

4) Para asegurarse definitivamente de que no han ocurrido los dos problemas anteriores, habría que poder comparar la secuencia obtenida con la secuencia de lo que se tenía al inicio a fin de ver que son idénticas; pero para esto se tendría que conocer lo que había al inicio, que es precisamente lo que queremos saber. Parece, pues, que se constituye un círculo vicioso imposible de romper. Además, aproximarse a este rigor inalcanzable exigiría más tiempo y dinero, luego no se hace, es decir, ni siquiera se intenta. Y si se hiciese, de nuevo aparecerían las limitaciones intrínsecas a la técnica de secuenciación que otra vez habría que emplear.

El primero de estos cuatro puntos exige amplificar los trozos de cromosoma. Aparecen, pues, las limitaciones técnicas intrínsecas de la multiplicación genética, limitaciones

que se añadirán a las de la secuenciación. Para multiplicar material genético se puede recurrir a dos caminos<sup>46</sup>: A) a las bacterias; B) a la técnica llamada Polimerasa Chain Reaction, más conocida por sus siglas, PCR.

Si para multiplicar material genético se recurre a las bacterias, hay que efectuar los siguientes pasos: a) introducir la información genética que se quiere amplificar en el interior del plásmido o anilla que contiene el ADN bacteriano; b) inducir la rápida multiplicación de las bacterias; c) matarlas, y d) separar la información genética deseada del ADN de la bacteria. En cada paso puede haber errores. Pero, además: 1) Ya sabemos que en el material genético multiplicado no hay mecanismos de reparación, por lo que cualquier cambio o mutación puede ser peligroso; 2) La bacteria tiene una cantidad y proporción determinadas de nucleótidos adecuadas para ejecutar la información genética que la bacteria necesita, es decir, la suya propia. Si se le hace dividir muchas veces para obtener una información genética extraña que le ha sido incorporada, es probable que le falte alguno de los nucleótidos para cumplir al 100% la nueva tarea que se pretende que la bacteria cumpla. Si le faltan, los irá sustituyendo por nucleótidos distintos, con lo que el material genético finalmente obtenido no será el que se pretendía.

Si para multiplicar material genético se recurre a la PCR, hay que tener presente que se necesitan dos moléculas de arranque (starters) distintas de unas 20 letras genéticas cada una, starters que deben ser respectivamente complementarias al inicio y al final de las secuencias de los sendos filamentos complementarios del trozo de ADN que se quiere amplificar. Las limitaciones intrínsecas son: 1.- Sólo se puede amplificar secuencias que ya sean previamente conocidas, pues sólo así se puede preparar las moléculas de arranque, y además en la cantidad necesaria; es decir, sólo se puede amplificar aquello que ya se conoce, y justamente en este caso la multiplicación genética se hace para poder luego secuenciar, es decir, conocerlo. 2.- La unión de la molécula de arranque con la cadena de ADN depende de muchos factores (temperatura, minerales, pH,...), con lo que ligeras variaciones de estos factores darán resultados distintos. 3.- No suele secuenciarse el ADN final obtenido porque ello encarecería el proceso; luego puede ocurrir que se haya amplificado otro ADN (el de un colega que está trabajando cerca con un ADN similar, o una variante que se haya producido espontáneamente) en vez del ADN que se pretendía, y que al final se afirma haber obtenido aunque no haya sido secuenciado...<sup>47</sup>

---

<sup>46</sup> Caminos que se apoyan en capacidades que sólo tiene la Madre Naturaleza, como (casi) siempre hacen las técnicas de laboratorio. En este caso, respectivamente: A) en la capacidad de las bacterias de incorporar nueva información genética y de reproducirse rápidamente; B) en la capacidad del ADN de copiarse fielmente mediante la propiedad de formar filamentos complementarios a los iniciales. Hasta que el Dr. Kary Mullis inventó la PCR, la duplicación de un ADN en el laboratorio sólo podía hacerse un par de veces porque hay que calentar para separar los dos filamentos de ADN y este calor inutilizaba la enzima ADN-polimerasa que "construye" los filamentos complementarios. La sencilla genialidad del Dr. Mullis (y por la que le dieron un Premio Nobel en 1993) consistió en emplear una enzima resistente al calor, con lo que el proceso puede repetirse un considerable número de veces y obtener así millones de copias del trozo de ADN original.

<sup>47</sup> Hay una cuarta limitación intrínseca de la PCR que, en principio, no tiene importancia aquí pero sí en el caso de la hepatitis y del SIDA: Con la PCR no se puede cuantificar el material genético de partida, es decir, el que había al inicio del proceso multiplicativo. El propio Dr. Mullis afirma que medir la cantidad de ADN resultante no es de ninguna ayuda para saber la cantidad de ADN original. Y sin embargo se está utilizando la PCR para dictaminar la supuesta viremia o "carga viral de VHC o de VIH" de la persona a cuya sangre se aplica la PCR...

Finalmente, retomar el aspecto ya mencionado de que en lugar de los 100.000 o más genes predichos, ahora tan sólo esperan encontrar de 30.000 a 50.000. Aunque cuantitativo, este dato tiene una gran importancia cualitativa. Porque los cien mil o más genes se habían predicho a partir del número estimado de proteínas humanas basándose en el dogma central: un gen, una proteína. Luego “si el número de genes humanos es demasiado bajo para emparejarse con el número de proteínas, y si ello no puede explicar las muchas diferencias heredadas existentes entre las distintas personas, tiene que haber mucho más para la ‘explicación última de la vida’ que lo que los genes pueden decirnos por sí solos”<sup>48</sup>. Y mucho más que lo que nos puedan prometer a partir del supuesto “desciframiento del genoma humano”<sup>49</sup>.

*Última y clarificadora noticia respecto al ‘genoma humano’:* El Dr. Craig Venter abandonó la investigación pública para fundar la empresa privada Celera Genomics a fin de quitar el protagonismo al cuantioso dinero público invertido en el ‘Proyecto Genoma Humano’ y hacerse el suyo propio. Una vez logrado el éxito mediático—que no científico—de su operación, y con ello la futura rentabilidad económica, no sólo ha abandonado la presidencia de Celera. Venter ha pasado a presidir la empresa Institute for Genomic Research y ofrece literalmente “un paso lógico de su trabajo” que consiste en vender “una secuenciación personalizada de su código genético, grabado en el interior de un vulgar compact disc” a quien le abone “712.000 dólares”. Venter afirma que la compra de su “producto permitirá que las personas logren ‘un mejor control de sus vidas’, ya que la adquisición de un genoma personalizado les ayudará a saber cómo deben cuidar su salud. ‘Si sabes que tienes un 30 % más riesgo de padecer un cáncer de colon porque así lo indica tu código genético, entonces irás con más frecuencia a hacerte chequeos médicos. Así que esto puede proporcionar a la gente un mayor poder y control sobre su propio destino’, asegura Venter. No obstante, lo que este científico no dice, y sus críticos ya han empezado a recordarle, es que en estos momentos existen muy pocos datos fiables que establezcan una relación directa entre el genoma de una persona y su vulnerabilidad a una enfermedad. En declaraciones a la cadena CNN, el Dr. Robert Waterston—uno de los investigadores que participó en el proyecto público de secuenciación del genoma humano—ha advertido que ‘el número de genes que podemos identificar ahora mismo para detectar la vulnerabilidad de las personas a las enfermedades, es muy limitado’<sup>50</sup>.

<sup>48</sup> Red por una América Latina libre de transgénicos, boletín 23, Quito, 7-8-2000.

<sup>49</sup> Algunos científicos han escrito frenando prudentemente las campanas al vuelo que los medios de comunicación lanzaron en sus grandes titulares. He aquí un ejemplo a raíz del reciente “desciframiento del genoma del ratón”: “¿QUÉ ESPERAR DEL GENOMA? Descifrar el genoma de un ser vivo es un paso importante para la ciencia y la medicina. Pero que nadie espere que estos adelantos puedan curarle su enfermedad, ni tan siquiera a largo plazo. Hace años que conocemos el genoma humano y no hemos visto cambios notorios en la predicción de enfermedades no en su tratamiento genético, aunque sí en el diagnóstico. Ahora se ha descifrado el genoma del ratón. Seguirá el del chimpancé. Los vendedores de esperanza intentarán, como siempre, engañar a los desesperanzados porque el ratón es el mejor modelo de muchas enfermedades humanas. Pero constituye un mal modelo; y el chimpancé, un modelo pésimo. Conocer el genoma del ratón sólo significa conocer otro genoma; importante, sí, pero nada más”. Josep Egozcue, catedrático de Biología Celular de la Universitat Autònoma de Barcelona (El Periódico, 6-8-2002)

<sup>50</sup> Estas citas están sacadas de El Mundo, 7-10-2002.

### 3.4.- "Tests génicos que permiten detectar y evitar futuras enfermedades (en particular, el cáncer)"

Se presenta los "tests génicos" como unas sencillas pruebas que permiten detectar bien "el gen" o bien "la mutación de un gen" que es responsable de que en un futuro más o menos lejano la persona que dé positivo al test desarrolle una determinada enfermedad con una probabilidad dada. Se afirma que bien actuando ahora de forma directa sobre lo genéticamente detectado o bien con otro tipo de intervención, disminuye drásticamente la probabilidad de que luego aparezca dicha enfermedad.

Estos "tests génicos" se basan en la técnica de detección de material genético llamada hibridación. Se trata de confrontar el ADN-cromosómico de la persona testada con una "sonda genética marcada"<sup>51</sup> que contiene una secuencia genética que se considera complementaria de (parte de) la secuencia de letras genéticas considerada "responsable de la enfermedad". Si se detecta mediante el marcaje que esta sonda genética se adhiere a la muestra de ADN-cromosómico testado, la prueba será dada por positiva y la persona quedará diagnosticada como susceptible, en una determinada probabilidad, de desarrollar la enfermedad correspondiente al test en un plazo de tiempo situado dentro de unos intervalos dados; si la sonda no se adhiere, el resultado es dado como negativo y la persona está exenta de dicho peligro. Si el test da positivo, se propone a la persona un determinado tratamiento preventivo.

Una observación general a los "tests génicos" es que también la técnica de hibridación utilizada tiene limitaciones técnicas intrínsecas.

La hibridación se basa en la anteriormente explicada complementariedad entre los dos filamentos del ADN. La teoría dice que si la secuencia de letras genéticas que contiene la sonda encuentra su secuencia exactamente complementaria en el ADN testado, se adherirá sólidamente a él, y el test será positivo. Por el contrario, si no encuentra su secuencia complementaria exacta, no se producirá tal adhesión y el test será negativo. En la realidad ocurren varias complicaciones, teniendo en cuenta que las condiciones concretas de trabajo exigen que A) uno de los dos trozos de ADN implicados (o el ADN testado o el ADN sonda) debe estar fijado en un soporte (por ejemplo, una membrana), y que B) hay una operación de "lavado" para separar la información genética donde ha habido adhesión, del resto. Así:

—: Si la molécula marcada es corta (pongamos unas seis letras), si se une perfectamente al material genético a estudiar que se halla fijado en soporte sólido, permanecerá fijado incluso después de "lavar" bien; si en cambio no se une, al "lavarse", desaparecerá. Pero si la molécula marcada es larga (200 a 500 letras), puede unirse algo en varios lugares y desaparecerá o no según que se "lave" más o menos. Luego puede dar un resultado o el inverso según se lave con mayor o menor duración y/o intensidad.

—: Si la molécula marcada es larga, aunque encuentre poco material genético complementario se unirá debido a la interacción electromagnética entre dos moléculas largas. Y si se "lava" sólo suave, no será eliminada, y el test podrá presentarse como positivo.

—: Si tenemos una molécula larga y otra corta que se complementan, el resultado será totalmente distinto según si sobre la membrana sólida esté fijada la larga o la corta.

<sup>51</sup> Por ejemplo, con radioactividad.

Si es la larga, el trozo pequeño quedará sólidamente unido y aunque se “lave” muy bien, al final aparecerá unido. Si es la corta la fijada, aunque la unión sea muy sólida, al “lavar” bien (y, en todo caso, “lo necesario”), al final la larga será “lavada” y el resultado será el opuesto. Es decir, hay exactamente el mismo material genético y, sin embargo, los dos resultados son opuestos según cómo se disponga el experimento.

—: Cuando se comparan moléculas largas no se puede distinguir si un número pequeño de letras (;hasta media docena?) son diferentes. Es decir, se puede dar por detectadas secuencias que no son exactamente iguales y que, por lo tanto, son distintas.

Veamos ahora una enfermedad concreta: el cáncer de mama. En este caso, se propone a la mujer que da positivo al test un tratamiento que consiste en la amputación de los pechos de manera preventiva. Ya en Estados Unidos, Suecia y Alemania, jovencitas de quince, dieciséis, diecisiete años se han dejado mutilar sus pechos porque les han dicho que así descende de un noventa a un diez por ciento la probabilidad de que dentro de veinte o treinta años desarrollen el cáncer de mama.

Pero ilustra lo dramático y peligroso de lo que está sucediendo saber que “Cerca de 200 mutaciones (del BRCA1) han sido publicadas y otras 1.000 han sido identificadas. La mayoría, sino todas, serán patentadas”<sup>52</sup>. Antes de este párrafo hay otro en el que se afirma que “Más de 200.000 mujeres serán diagnosticadas con cáncer de mama o de ovario únicamente en Estados Unidos. Aunque se estima que sólo de un 5 a un 10 % de estos casos serán debidos a mutaciones en el BRCA1, los derechos por los tests génicos de diagnóstico se estiman en más de 100 millones de dólares al año”. Y la frase posterior al primer párrafo explica cuál es el problema gracias al cual nos hemos podido enterar de tan importantes datos: “Dado el número de patentes presentadas para el BRCA1, ¿quién será el propietario de los derechos de diagnóstico?”. Además, un equipo que quedó anteriormente fuera de la carrera por dicho dinero, hizo público que estas mutaciones aparecen en prácticamente los mismos porcentajes en las mujeres con cáncer de mama que en las mujeres sin cáncer de mama... e incluso en los hombres.

En última instancia, parece bastante presuntuoso e imaginativo pretender que con un “test genético” se puede encontrar la mutación “explicativa o causal” de una determinada enfermedad en alguno de los tres mil millones de pares de letras genéticas en uno de los entre 30.000 a 120.000 genes de uno de los 46 cromosomas en una o varias de los cien billones de células de un cuerpo que está dotado de múltiples mecanismos de regulación y, entre otras cosas, de un potentísimo sistema de reparación precisamente de las mutaciones que ocurren en el ADN cromosómico.

Tamaño complejidad exige elaborar un modelo reductor que la simplifique extraordinariamente a fin de poder realizar la investigación que ha obtenido el dinero necesario para ello. Probablemente esto explica que cada equipo que investiga una determinada reducción a la mutación X del gen Y, encuentre que justamente dicha mutación aparece con alguna probabilidad algo mayor. Y así (casi) cada equipo investigador tiene “su mutación” candidata a ser “LA mutación”...<sup>53</sup>

<sup>52</sup> “Wrangle over rights to BRCA1”, Ken Chahine, Nature Biotechnology, Vol. 15, October 1997, p. 936.

<sup>53</sup> Lo que suele ocurrir en estas situaciones es que empieza una larga negociación entre los diferentes candidatos (o por lo menos entre los candidatos con multinacionales más potentes detrás) para llegar a un consenso. Este acuerdo consensuado incluirá tanto cual es “LA mutación que desde hoy pasa a ser LA causa de tal o cual problema de salud”

### 3.5.- “Clonación de animales, incluido el ser humano”

En ‘Ingeniería genética’ se llama “clonación al proceso para la replicación eficiente de un gran número de moléculas de ADN idénticas”<sup>54</sup>. Esta amplificación o multiplicación de moléculas de ADN suele realizarse actualmente con la técnica PCR ya mencionada. Como hemos visto, debido a las limitaciones técnicas intrínsecas de la PCR, debe hacerse verificaciones finales complementarias antes de poder afirmar que las moléculas de ADN obtenidas al final son efectivamente “idénticas” de la original.

Esta idea de clonación de moléculas de ADN se ha traspasado a plantas y animales, con lo que se ha ido generando la imagen social de que clonación significa la producción de uno o varios individuos genéticamente idénticos al original y que, debido a ello, tendrán las mismas características y comportamientos.

Pero se puede afirmar con toda rotundidad que ello es sencillamente imposible, incluso si “información genética idéntica”, que incluye *básicamente* –ver nota al pie 6– tanto al ADN como al ARN, se reduce a “ADN idéntico”, que excluye al ARN. La razón es la presencia de la “herencia citoplasmática” anteriormente mencionada, en forma de ADN dentro de las mitocondrias. Pero además debe tenerse presente la existencia de numerosos segmentos de ARN “nadando” directamente en el citoplasma.

La técnica de clonación de organismos vivos complejos no tiene nada que ver con la “clonación de moléculas de ADN idénticas”. Por ejemplo, la clonación de animales por la técnica llamada “transferencia nuclear” implica la extracción del núcleo de una célula somática de un animal (que será el “padre”) para insertarlo en una célula embrionaria previamente desnuclearizada de otro animal hembra (que será la “madre”). Así, pues, las mitocondrias de la célula de la que se extrae el núcleo quedan en la célula desechada, mientras que este núcleo es insertado en otra célula que ya tiene sus propias mitocondrias. Luego el total de ADN del individuo clonado será distinto del ADN “paterno”.

Además, que el genoma sea “fluido y flexible” en la realidad, y no “rígido e inamovible” como presupone la ‘Ingeniería genética’, implica que incluso si la información genética fuese la misma, su expresión en proteínas, características y conductas será distinta<sup>55</sup>, cada vez más distinta en la medida que pase el tiempo y se sucedan las generaciones.

La clonación saltó a las primeras páginas de todos los periódicos el 23-3-1997, cuando el Dr. Ian Wilmut dio a conocer que desde hacía varias semanas existía la oveja Dolly. El retraso en dar a conocer la noticia tiene una explicación: Dolly fue el único que prosperó de entre 277 intentos realizados. Y antes de anunciarlo públicamente, debían asegurarse de que no se iba a morir en seguida, como había ocurrido con las 276 anteriores...<sup>56</sup>

Pero lo que conmueve el imaginario social y mantiene la promesa de ganar mucho dinero en un futuro próximo, es la posibilidad de clonación humana que al parecer abre la clonación animal. Al respecto, “No hay que olvidar que Dolly fue la primera oveja

---

como los porcentajes en que se distribuirán los royalties DEL test también consensuado para diagnosticar la presencia de TAL mutación, con el supuesto porcentaje de riesgo que se ha negociado y decidido que ello representa...

<sup>54</sup> “Diccionario de Biotecnología”, J. Coombs, Editorial Labor - MEC, Madrid, 1989.

<sup>55</sup> Esto es lo que ocurre incluso con gemelos univitelinos.

<sup>56</sup> Es indicativo de cómo se mueven las noticias en estos terrenos que afectan a importantes cotizaciones en bolsa, el que en el artículo sobre Dolly publicado en la revista Nature no aparece la palabra clonación... He aquí otro buen ejemplo de “ciencia a base de conferencias de prensa”.

clónica y la única; no ha vuelto a salir ninguna. Es una excepción.”<sup>57</sup>, es decir, la clonación animal (casi) no funciona. Y sobre la clonación humana, el propio padre de la oveja Dolly se oponía recientemente a ella<sup>58</sup>.

Dejo de nuevo la palabra al Dr. Commoner: “Se nos dice que todo está bajo control. Convenientemente ignorados, olvidados o, a veces, simplemente suprimidos, quedan las advertencias, los indicios, los defectos y los abortos espontáneos. La mayoría de clones muestran fallos en su desarrollo antes o poco después de su nacimiento, e incluso clones aparentemente normales a menudo padecen malformaciones de riñón o de cerebro<sup>59</sup>. ANDi no ha logrado brillar como una medusa<sup>60</sup>. Cerdos genéticamente modificados tienen una alta incidencia de úlceras gástricas, artritis, cardiomegalia, dermatitis y enfermedades renales. A pesar de las seguridades dadas por la industria biotecnológica de que la soja genéticamente manipulada sólo ha sido alterada por la presencia del gen ajeno, de hecho el propio sistema genético de la planta también ha sido involuntariamente alterado, con potenciales consecuencias peligrosas<sup>61</sup>. La lista de malfunciones tiene poca difusión; las compañías biotecnológicas no tienen el hábito de dar publicidad a los estudios que cuestionan la eficacia de sus milagrosos productos o que sugieren la presencia de una serpiente en su jardín biotécnico”<sup>62</sup>.

#### *Última y clarificadora noticia respecto a la “clonación”*

“El ‘padre’ de la oveja Dolly reconoce el fiasco de la clonación y pide un cambio de enfoque”<sup>63</sup>. (...) “El porcentaje de animales clonados sigue fijado en niveles extremadamente bajos (entre cero y cuatro de cada cien intentos<sup>64</sup>); y hay especies a las que no se consigue clonar<sup>65</sup>. Lo reconoce (...) en un artículo publicado en Nature. (...) ‘A la vista de ello, todavía resulta sorprendente que las células somáticas clonadas hayan podido siquiera producir algunos ejemplares viables’, (escriben) Wilmut y sus colegas (quienes) no renuncian a la ambiciosa meta establecida en su momento por la tecnología de la clonación: la apertura de una ‘nueva era en biología del desarrollo y en medicina regenerativa’, pero de las reservas expuestas y de su enumeración de escollos a superar se trasluce la certidumbre de que ese horizonte se encuentra todavía a considerable distancia”.

<sup>57</sup> Ángel Raya, médico investigador del Salk Institute, en “Españoles en la élite de la ciencia”, El País Semanal, 7-7-2002.

<sup>58</sup> Jaenish R. and Wilmut I. “Don’t Clone Humans”. Science. 2001. 291:2552

<sup>59</sup> En xi, página 1-2.

<sup>60</sup> ANDi: Un mono rhesus nacido el 2001 portando el gen de una medusa luminiscente.

<sup>61</sup> Windels P. et al. “Characterisation of the Roundup Ready soybean insert”. Eur Food Res Technol. 2001. 213:107-112.

<sup>62</sup> En xi, página 2.

<sup>63</sup> Título y extractos de una columna, no en primera página sino en la 30. La Razón, 10-10-2002.

<sup>64</sup> Y de este cuatro por ciento que nace, la mayoría muere dentro de las primeras 24 horas.

<sup>65</sup> Como ratas y perros, entre las especies en que ha ensayado.

#### 4.- *Algunas conclusiones provisionales.*

Que el Dogma Central de la Genética sigue vigente y presidiendo la práctica de la 'Ingeniería genética' se confirma con hechos como los siguientes:

\* El 6-10-1999, y ante el Comité de Agricultura, Nutrición y Forestal del Senado de Estados Unidos, Ralph W. F. Hardy, presidente del National Agricultural Biotechnology Center, describió la teoría que guía a la industria de la manipulación genética literalmente con estas palabras: "El ADN (moléculas directivas máximas) dirige el ARN (moléculas directivas medias) que dirigen la formación de proteínas (moléculas obreras)"<sup>66</sup>.

\* Casi dos meses más tarde, el Dr. François Jacob, Premio Nobel de Medicina en 1965 y un peso pesado de la manipulación genética, afirmaba: "Hoy podemos decir que la estructura genética funciona como un mecano"<sup>67</sup>.

\* Un recentísimo ejemplo lo constituye la conferencia impartida por el Dr. Juan Ramón Lacadena esta mañana con ayuda de las numerosas diapositivas utilizadas en apoyo de sus palabras, y en la que, a mi entender, ha dado el protagonismo única y exclusivamente al ADN<sup>68</sup>.

A falta de la presentación de más documentación científica y de nuevos argumentos biológicos, considero que lo aportado en los apartados anteriores permite decir que:

A) Los avances de la Ciencia Genética cuestionan a la 'Ingeniería genética', por no decir abiertamente que la desautorizan. Estos avances generan la Nueva Genética y su "genoma fluido y adaptable"<sup>69</sup> antes mencionado. Se puede decir que "el ADN no crea la vida sino que es la vida la que crea el ADN"<sup>70</sup>. En todo caso, el ADN es un mecanismo creado por la célula para almacenar información elaborada por la propia célula, sola o como parte de colonias celulares o de organismos pluricelulares.

En palabras del Dr. Commoner:

"... la industria biotecnológica está basada en una ciencia que tiene (más de) cuarenta años y que prescinde según su conveniencia de resultados más recientes que muestran que hay fuertes razones para temer las consecuencias potenciales de transferir genes de ADN entre especies. Lo que el público teme no es la ciencia experimental sino la decisión fundamentalmente irracional de llevarla fuera del laboratorio, al mundo real, antes de entenderla verdaderamente"<sup>71</sup>

<sup>66</sup> En xi, página 11.

<sup>67</sup> Entrevista con el Dr. Jacob publicada en el periódico Avui, 30-11-1999.

<sup>68</sup> Cuando al acabar su ponencia se lo he comentado al Dr. Lacadena, se ha sorprendido y me ha contestado que no es esto lo que considera, sino que el ADN es la base y después otros factores influyen, y que revisaría sus diapositivas. Y me ha solicitado que transmitiese esta matización a los congresistas, cosa que he hecho muy gustosamente de forma oral en la presentación de mi ponencia, como también lo hago ahora en esta versión escrita.

<sup>69</sup> Estos avances de la Genética cuestionan aún más los ya débiles argumentos científicos en favor del evolucionismo darwinista y neodarwinista.

<sup>70</sup> Commoner B. "Relationship between biological information and the origin of life". En "Molecular Evolution and Protobiology", pg. 283, Plenum Press, New York, 1984.

<sup>71</sup> En xi, página 15.



B) Las promesas hechas por la 'Ingeniería genética' de ser la solución para el hambre en el mundo y para las enfermedades, carecen de fundamento biológico y científico, por lo que es bio-lógico que no se estén materializando en los hechos.

C) En realidad la 'Ingeniería genética' significa un peligro para la vida ya que puede ser generadora de hambre, de enfermedades, de abortos, de malformaciones, de mutaciones<sup>72</sup>, y de graves riesgos totalmente imprevisibles, incluida la muerte.

Además, parece que la propia práctica está mostrando que la 'Ingeniería Genética' no supera la prueba de la realidad. La industria puesta en marcha con inversiones de miles de millones de dólares<sup>73</sup> tiene grandes dificultades para continuar adelante:

— Los alimentos transgénicos sólo pueden entrar en el mercado de manera clandestina, es decir, negándose los empresarios a poner las etiquetas que indican que sus productos están genéticamente manipulados<sup>74</sup>,

— Numerosas multinacionales de la alimentación han hecho público su compromiso de no utilizar ni incluir OMG,

— La empresa Monsanto acumulaba a fines de 1999 deudas de casi diez mil millones de dólares,

— "Las ciencias de la vida cotizan a la baja" (El País, 1-9-1999),

— "Desde 1999 se han hecho más de 300 estudios en seres humanos, pero ninguna investigación ha sido reportada como enteramente exitosa. ¿Qué es lo que estamos haciendo a estas personas?"<sup>75</sup> dijo David Baltimore, premio Nobel, que participó en la reunión de Asilomar en 1975, y que actualmente es presidente de Caltech, empresa punta en investigación genética,

— El recién pasado 20 setiembre, ABC concluía el artículo esperanzadoramente titulado "El pionero de la terapia génica pone a punto otra estrategia contra el cáncer" afirmando "de los cientos de ensayos con terapias génicas, muy prometedoras en sus inicios, sólo uno ha tenido éxito",

— El departamento de investigación que clonó la oveja Dolly cerró sus actividades a mediados de setiembre de este año.

La 'Ingeniería genética' significa una curiosa reintroducción del azar en biología, ya que esta vez toma la forma de azar artificial e instantáneo. En efecto, ahora el agente del azar es el 'ingeniero genético', quien actúa de manera fulminante introduciendo desde

<sup>72</sup> En particular, en todas las células del feto si la información genética manipulada llega a una célula germinal que fecunde o sea fecundada.

<sup>73</sup> Son unas inversiones enormes que, lógicamente, exigen rentabilidad. De ahí la manera de hacer circular a bombo y platillo las "buenas noticias", y de silenciar lo más posible los malos resultados. En un revelador informe de enero de 1997 de la importante empresa norteamericana de relaciones públicas Burson Marsteller a "Europabio" (reagrupamiento de multinacionales biotecnológicas preocupadas por la resistencia de la población europea a los transgénicos), les recomendaba, entre otras reveladoras cosas, aplicar: "Historias, no documentos. Productos, no tecnologías. Beneficiarios, no beneficios. Símbolos, no lógica".

<sup>74</sup> Quizás la forma de superar la resistencia de las empresas que utilizan Organismos Modificados Genéticamente (OMG) a ponerlo en las etiquetas de sus productos, es que sean las que no utilizan OMG las que indiquen explícitamente tal ausencia.

<sup>75</sup> Red por una América Latina libre de transgénicos, boletín 23, Quito, 7-8-2000.

el exterior una manipulación genética totalmente extraña al organismo receptor. Veamos esto más de cerca.

Esta mañana el Dr. Lacadena ha explicado que los procesos biológicos son: A) continuos; B) pero pueden aparecer propiedades nuevas de forma instantánea; y C) no funcionan con un simple “dos más dos son cuatro”, lo que significaría un reduccionismo gravemente peligroso, ya que el todo no es igual a la suma de las partes.

Lamentando no haberlo podido discutir con él, considero que el enfoque de la ‘Ingeniería genética’ se basa precisamente en una simplificación reductora de tipo “dos más dos son cuatro”, se olvida de que los procesos biológicos son continuos, y sustituye que “pueden aparecer propiedades nuevas de forma instantánea” por algo cualitativamente distinto: “los ‘ingenieros genéticos’ pretenden hacer aparecer en el momento que quieren y de manera instantánea la propiedad nueva que ellos han decidido que aparezca”.

La diferencia cualitativa consiste en que la posible “aparición de una propiedad nueva de forma instantánea” en realidad habrá sido preparada por largo tiempo de procesos biológicos “continuos” en los que el conjunto del funcionamiento constante del organismo en relación con su entorno generará las condiciones adecuadas para que *desde el exterior* se interprete que “de forma instantánea aparece una nueva propiedad” lo que *desde el interior* es un lento y complejo proceso de confección de las condiciones biológicas que permitan la exteriorización de la nueva propiedad. Por el contrario, la introducción desde fuera de material genético extraño lo que hace es precisamente interferir en el complejo proceso continuo interno que estaba en marcha, y son impredecibles las consecuencias de esta intromisión perturbadora.

En realidad, lo bio-lógico es que las consecuencias de toda manipulación genética no puedan ser sino perjudiciales. En primer lugar, para la propia especie manipulada (ya se ha registrado la extinción de poblaciones enteras de peces al ser manipulados algunos de sus miembros); en segundo lugar, para otras especies (ya se ha comprobado que otras especies relacionadas, por su actividad –polinización, eslabón superior en la cadena trófica,...– o simplemente por su proximidad geográfica, con la especie manipulada también han incorporado la información genética manipulada); en tercer lugar, para el ser humano (en particular por estar al final de la cadena trófica) y para las comunidades humanas (por ejemplo, es de prever que la ‘Ingeniería genética’ va a agravar el hambre en el mundo al acelerar la eliminación de especies autóctonas y al aumentar la dependencia económica y tecnológica de los campesinos ante las multinacionales); y, finalmente, para la Naturaleza en su conjunto, con las imprevisibles consecuencias de la presencia y acción de un creciente de organismos manipulados genéticamente (OMG) sueltos. Está en marcha, pues, otra grave amenaza: la contaminación o polución genética.

Ante la posible objeción a estas conclusiones de que existen algunos cultivos (soja, maíz, algodón,...) que desde hace años y en extensiones considerables se van reproduciendo aunque hayan sido manipulados genéticamente, he aquí dos observaciones:

1.- El hecho ya citado de que no haya un seguimiento de las sucesivas generaciones de cultivos transgénicos a lo largo del tiempo, impide saber si se están o no produciendo cambios que pueden llegar a ser importantes. Sólo hay posibilidad de que se sepa si dichos cambios se traducen en resultados exteriores desastrosos.

2.- Incluso cuando ocurren catástrofes, es probable que su conocimiento no llegue a la población ya que normalmente son silenciados por la influencia de las multinacionales sobre los medios de comunicación.

Y ante la segunda posible objeción de que a veces efectivamente se logra introducir una propiedad deseada (resistencia a un insecticida,...), una tercera observación, a modo de hipótesis, a añadir a las dos anteriores:

3.- La propia complejidad de la información genética y de la vida puede quizá ayudar en ocasiones a que funcione lo que, si no, no funcionaría; pero también en este caso se trataría de fenómenos inestables e inseguros. Un refrán ilustra lo que quiero decir: "Sonó la flauta por casualidad". Pero algo así sólo puede ocurrir durante un cierto y corto tiempo...<sup>76</sup>

Me parece, en consecuencia, que es adecuado proponer dos medidas urgentes:

A) Aplicar un Principio de Precaución que, aunque quizá no siga la sabia costumbre de durar siete generaciones<sup>77</sup>, establezca I) una moratoria inmediata a las aplicaciones de la 'Ingeniería genética'; II) los mecanismos adecuados para evitar que se repita lo ocurrido tras la reunión de Asilomar<sup>78</sup>, en la que, ante el temor de que las manipulaciones genéticas que empezaban a hacerse llegasen a significar un riesgo para el ser humano, se acordó trabajar exclusivamente con microorganismos que sólo pudiesen sobrevivir en las condiciones de los laboratorios y que muriesen si, por la razón o accidente que fuese, salían al exterior; pero este importante acuerdo fue roto en la práctica poco después sin que hubiese sido decidido fin alguno de su validez... y de su necesidad.

B) Invitar a hacer objeción científica ante la 'Ingeniería genética', creando las condiciones sociales y políticas adecuadas para que su ejercicio no sea penalizado o represaliado.

---

<sup>76</sup> He aquí algunos ejemplos registrados de fracasos de la 'Ingeniería genética': 1) en Alemania, el primer experimento realizado fuera de laboratorio consistió en la plantación de 40.000 petunias manipuladas con un gen de maíz para dar flores color salmón; salieron todas blancas y con otras características no previstas; 2) La empresa Monsanto diseñó un algodón dotado con un "gen autoprotector" (extraído de la bacteria *Bacillus thuringiensis*) que proporcionaría resistencia a plagas de orugas y larvas de insectos (al generar la toxina Bt, mortal para las orugas). En el primer año, se sembró esta nueva planta en 700.000 Ha. Pero las plantas no generaron suficiente toxina ni a la velocidad necesaria: las orugas afectaron a un 60% de la producción, y en Texas fueron destruidas unas 8.000 Ha. Los daños ascendieron a unos 135.000 millones de ptas. Y si las larvas se vuelven resistentes a la toxina Bt (que, además, es un insecticida natural muy utilizado por los agricultores biológicos), las consecuencias serán terribles; 3) "en Estados Unidos, la ingestión del aminoácido triptófano producido por una bacteria modificada genéticamente, dio como resultado 27 personas muertas y más de 1.500 afectadas" (Gregorio Álvaro Campos y Jorge Reichmann, "Más vale prevenir que curar", *El País*, 4-2-1998).

<sup>77</sup> Se ha documentado que antes de introducir una novedad en el funcionamiento de distintas poblaciones (llamadas) primitivas, sus miembros más sabios se esforzaban en prever qué consecuencias iba a ocasionar dicha novedad en el conjunto de la comunidad hasta siete generaciones más adelante, y sólo después de este prudente ejercicio de precaución decidían introducirla o no.

<sup>78</sup> En Asilomar (Monterrey, California) se reunieron en 1975 unos 150 científicos de 16 países, cinco juristas, 16 periodistas y los delegados de General Electric, Merck, Searle y Hofmann-Laroche.

**Resumen también provisional**

Respondiendo al interrogante planteado en el título de esta ponencia, si por ingeniería se entiende una conocimiento que es específico, reproducible, predecible y controlable, y como consecuencia de todo ello, también es seguro,

a falta de nuevos argumentos y pruebas,

y deseando que se establezcan espacios plurales de debate, contrastación y verificación conjunta, considero que la respuesta es claramente negativa:

La 'Ingeniería genética' NO es una ingeniería.

Y he expuesto algunas de las graves consecuencias que ello tiene.

**Finalmente, algo acerca de bioética y ciencia**

Cuestionada la validez científica e ingeniera de la 'Ingeniería genética', se puede hacer una invitación a situar el debate bioético en otros temas que surgen de la exposición aquí hecha, como por ejemplo:

— ¿qué sociedad hemos creado en la que no hay lugares —y menos medios de comunicación que tengan un eco amplio— para discutir temas claves como éste, profundamente relacionados con algo tan importante como la vida, incluida la nuestra propia?

— ¿qué mecanismos sociales y éticos se han ido estableciendo que llevan a que en la práctica casi nadie —en particular, en este caso, científico— se atreva a decir públicamente lo que sabe y lo que considera correcto, si ello puede significar una colisión con las creencias establecidas, y/o con los intereses que las han configurado, y/o con los intereses que se han formado aprovechando el establecimiento de dichas creencias?

— ¿cómo conocer mejor de manera colectiva la situación colectiva real, y cómo actuar para cambiarla?

Me temo que, tal como están funcionando hoy en día, de hecho la Bioética como disciplina y los Comités de Bioética como instrumento se pueden convertir ante la sociedad en generadores de una buena conciencia que en realidad encubra la mala ciencia, y permita que prosiga. Porque el único componente de dichos Comités que aparece como inamovible, y en torno al cual puede haber más o menos representantes de otras áreas de conocimiento, es el científico. Pero los elementos aportados en esta ponencia<sup>79</sup> hacen patente que tampoco existe EL científico que representaría LA verdad científica en los debates de Bioética y en particular en el seno de los Comités de Bioética, sino que sobre todas las cuestiones científicas importantes hay diferentes hipótesis y diferentes prácticas que merecen estar representadas. Y el alcance que tienen estos temas debería incitar a los miembros no científicos de dichos Comités, por un lado, a estudiar por sí mismos las distintas posiciones científicas que puedan existir sobre el tema de que se trate, y, por el otro,

<sup>79</sup> Y muchos más aportables en otros campos, en particular en los relacionados con cuestiones tan importantes como la-salud-y-la-enfermedad y la-vida-y-la-muerte.

a ser los canales por los que se invite a estar presentes a los representantes de las posiciones científicas no oficiales, ya que los científicos oficiales son los primeros en no tener interés alguno en que estén presentes los científicos que precisamente cuestionan sus posiciones actualmente reconocidas.

Al respecto, es importante subrayar que el hecho de que una teoría, una explicación o un tratamiento esté “científicamente reconocido” no significa en absoluto que esté “científicamente demostrado”. El estar “científicamente demostrado” significa que hay pruebas repetidas e irrefutables de su certeza y de su validez. Que esté “científicamente reconocido” tan sólo indica que es lo que domina, y ello puede ser por razones diversas: multinacionales detrás, marketing, moda, *think tank*, actuación de lobbys, relaciones públicas, presiones políticas, etc. Uno de los problemas más graves y de peores repercusiones en la actualidad es que hay muchas “verdades científicas” que están “científicamente reconocidas” sin que ello en absoluto signifique que estén “científicamente demostradas”<sup>80</sup>. La ‘Ingeniería genética’ es tan sólo una de ellas...

Agradezco muchísimo al Comité Científico y al Comité Organizador de este Congreso la oportunidad que me han brindado de poderles hacer llegar estas informaciones, reflexiones, inquietudes y propuestas. Confío en que este encuentro permita establecer variados canales de comunicación entre todos nosotros. Y, quien sabe, quizás permita abrir uno de estos fóruns de debate de temas de fondo cuya falta mencionaba hace poco.

---

<sup>80</sup> Una de las razones de esta lamentable situación es el círculo vicioso que genera el criterio establecido según el cual “es científico aquello que la comunidad científica reconoce como tal”. En realidad, quien establece tal reconocimiento no es una abstracta “comunidad científica” sino una muy concreta minoría de científicos que tienen el poder necesario para hacerlo...