

Tribuna

La publicación del genoma humano y los medios: una secuencia de despropósitos

The broadcast of the human genome and the media: a sequence of nonsense

Manuel Perucho

El mapa y los datos de la secuenciación del genoma humano se acaban de publicar en *Nature*¹ y *Science*,² las dos revistas científicas más prestigiosas. En la primera, el resultado del esfuerzo del consorcio público, y en la segunda la de la compañía privada americana Celera Genomics.³ Este hito histórico, que se ha anunciado como «uno de los grandes momentos de la historia de la ciencia», estimula a la reflexión. Sobre todo el impacto mediático en la percepción de la importancia y las repercusiones de la secuencia del genoma humano.⁴

El acontecimiento ha traído una avalancha de noticias que, a pesar de lo previsto del anuncio, dan la impresión de haber sido escritas apresuradamente, al romperse el embargo por un periódico británico, *The Observer*,⁵ tras el cual los diarios españoles siguieron la misma tónica. Así, se dio la curiosa situación que mientras en Estados Unidos no se hacía mención en absoluto en los rotativos de información general hasta el martes 13 de febrero, en España se daba detallada información desde el domingo 11.

El apresuramiento trajo consigo algunas declaraciones chocantes y llenas de despropósitos. Por ejemplo, en su editorial del 12 de febrero, el diario *El Mundo*⁶ declaraba que «El mapa del ser humano reafirma la libertad individual», y *La Vanguardia*⁷ destacaba en primera página que «El genoma humano sólo tiene el doble de genes que una mosca» y (presumiblemente como corolario) que «El código genético es menor al previsto e igual en toda la especie».

Que entre el mapa del genoma y la libertad individual pudiera haber una posible relación es un concepto realmente extraordinario. El ávido lector que busque la explicación a este vínculo se encuentra con que esta conclusión está basada simplemente en el número de genes que los científicos prevén en el genoma, unos treinta mil. Este número, que es menor que el de algunas predicciones anteriores, se interpretaba en *El Mundo* como un signo concluyente de la falta de determinismo genético. Esto es doblemente erróneo. En primer lugar, no se ve la razón por la cual la hipotética existencia de, digamos el doble de genes, pudiese producir un cambio radical en la disyuntiva entre determinismo o indeterminismo genético. En segundo lugar, el determinismo genético de la especie humana, como el de cualquier otra, es independiente del número de genes. Que el número de genes sea menor de lo previsto no disminuye un ápice la importancia del genotipo en la manifestación del fenotipo. Y venir a descubrir a estas alturas que el fenotipo es resultado de la interacción entre el genotipo y el medio ambiente es tan sorprendente como decepcionante encontrarlo en los mayores rotativos en una ocasión de importancia histórica.

La estimación del número de genes en treinta mil implica que el número de proteínas codificado por cada gen es superior al de otras especies más simples. Pero la relación gen-proteína sigue siendo válida, y el hecho de que un gen codifique más de una proteína es también de sobra conocido por los genéticos moleculares. La importancia del hallazgo del número relativamente pequeño de genes es obvia. Por un lado, simplificará el diagnóstico de enfermedades genéticas (habrá menos posibles culpables que buscar); pero, por otro lado, dificultará el estudio de los mecanismos involucrados en su manifestación, al incrementar la importancia de las interacciones entre genes y los mecanismos que controlan su expresión, como la heterogeneidad de las distintas mutaciones en un mismo gen (un genotipo que se expresa en varios fenotipos). Pero de ahí a que los treinta mil genes previstos del genoma humano demuestren la libertad del individuo hay un abismo.

Estas declaraciones son más bien debidas a un afán de capitalizar al máximo la hazaña tecnológica. Al haberse hecho el pasado junio del año 2000 el preanuncio de la secuenciación del genoma (recordemos que Clinton y Blair hicieron una declaración simultánea vía satélite), el anuncio final ha quedado desprovisto de espectacularidad. No había mucho nuevo que decir, y de ahí la exageración

en detalles que no eran novedosos ni sorprendentes. Pero que repercutieron en el aumento de las acciones de Celera Genomics.

El titular de *La Vanguardia*⁸ también es una demostración contundente de cómo se puede escribir algo que carece de sentido, y que se produce, sin duda, por las prisas y por el ánimo de atraer la atención del lector. El número de genes no tiene nada que ver con el código genético, y que el código genético sea lo mismo en toda la especie es obligatorio, al ser el mismo en todas ellas. Desde los organismos más simples, unicelulares, como las bacterias, hasta el *Homo sapiens*.

Es evidente que tales titulares no ejercen a la larga efecto beneficioso alguno ni al periódico ni a sus lectores. ¿Qué necesidad había de hacer esta declaración en primera página de un diario del calibre de *La Vanguardia*? Por mucho que lo pienso, no alcanzo a ver la explicación. El titular del día siguiente todavía es peor: «Los datos conocidos sobre el genoma revelan que no estamos determinados por nuestros genes». ¿Entonces por quién? ¿Por los del vecino?

Los genes son determinantes absolutos de ciertos fenotipos, incluyendo una plétora de enfermedades congénitas. Otra cosa es que los genes determinen el comportamiento, que es a lo que se refiere la noticia. Todo es cuestión de la importancia relativa entre genotipo y ambiente; y en ciertas actividades humanas el ambiente es más importante que en otras. Pero el componente genético siempre ejercerá un papel importante en cualquier manifestación de la especie humana, incluyendo su comportamiento.

Además, otro de los tópicos distorsionados por el anuncio de la secuencia del genoma humano se manifiesta claramente en el siguiente titular, también de *La Vanguardia*, aunque se publicaron titulares similares en todos los diarios: «Un mal día para las teorías racistas. Los científicos destacan que la genética deja sin argumentos a los xenófobos». La idea nace de la pequeña diferencia encontrada entre los genomas de individuos de razas diferentes. Pero, esto no quiere decir que no haya diferencias genéticas entre las razas humanas, que las hay. Si el genotipo fuese idéntico, también lo sería el fenotipo. Y como todos sabemos que los fenotipos de las razas son claramente diferentes (de otra manera no se distinguirían unas de otras), que haya más o menos diferencia en genotipo no disminuye la importancia de estas diferencias. Hay que estar ciegos para no darse cuenta. Otra cosa es que estas diferencias en genotipo sean excusa para justificar una desigualdad social, que no la hay bajo concepto alguno, independientemente de su cantidad. Pero de ahí a que esta falta de una gran diferencia implique una identidad genética hay, de nuevo, un abismo.

Estas manifestaciones antirracistas o antixenófobas pueden ser en el fondo racistas y xenófobas, ya que implican una predicción que es injustificable a menos que se tenga un prejuicio sobre su existencia *a priori*. Es preocupante observar cómo la obsesión con lo políticamente correcto de ciertos temas puede llegar a cegar ante evidencias irrefutables. Es increíble que se intenten utilizar los datos de la secuencia del genoma humano para apoyar ideologías, que no por ser correctas han de estar apoyadas por la secuencia.

La era posgenómica, con la que empieza el nuevo milenio, abre unas posibilidades tremendas en la investigación biomédica. Pero la secuencia del genoma sólo es el comienzo, y lo difícil está por hacer. Los misterios que rodean los fenómenos fundamentales de la vida seguirán en el futuro. Por ejemplo, los detalles moleculares que hacen posible la construcción de un organismo tridimensional a partir del programa contenido en la información digital del genoma. O los procesos moleculares que hacen posible la actividad nerviosa superior, incluyendo la memoria, el pensamiento y la conciencia.

Harold Varmus ha comentado que la sensación de abrir las páginas de los últimos números de *Science* o *Nature* será parecida a la que tuvieron los astronautas cuando vieron la tierra por primera vez en un solo campo visual. Creo que esto es una exageración bienintencionada, puesto que precisamente el problema del genoma es su enorme tamaño lo que permite una vista panorámica del mismo. Éste ha sido el mérito de Roderic Guigó y Francesc Abril, de la Universitat Pompeu Fabra⁹ en Barcelona, quienes han desarrollado un programa informático que simplifica la presentación del mapa de los cromosomas, y permite así hacerse una idea de la organización de los mismos.

Manuel Perucho

Nacido en La Roda (Albacete) en 1948, Manuel Perucho cursó estudios de biología en la Universidad Complutense de Madrid y obtuvo una beca en el Instituto Max Planck. A finales de los años setenta se traslada a Estados Unidos para

investigar en el campo de la genética aplicado al cáncer. Director del Departamento de Oncogenes y Genes Supresores de Tumores del Instituto Burnham de La Jolla (California) y profesor visitante de la Universitat Pompeu Fabra (Barcelona), es especialista en los mecanismos moleculares que llevan a desarrollar un cáncer. Sus investigaciones se han centrado sobre todo en el cáncer de colon.

mperucho@lrcrf.edu

Notas

¹ *Nature*: <http://www.nature.com>

² *Science*: <http://www.sciencemag.org>

³ Celera Genomics: <http://www.celera.com>

⁴ *Biomedica* – Agencia de noticias: <http://www.biomedica.net/biomedica/R15/destacado01.htm>

⁵ *The Observer*: <http://www.observer.co.uk>

⁶ *El Mundo*: <http://www.elmundo.es>

⁷ *La Vanguardia*: <http://www.lavanguardia.es>

⁸ «El genoma humano sólo tiene el doble de genes que una mosca», «El código genético es menor al previsto e igual en toda la especie».

⁹ Universitat Pompeu Fabra (Barcelona): <http://www.upf.es>