

Proyecto Genoma Humano

por **D. Santiago Grisolia**

*Conferencia pronunciada
el 28 de noviembre de 1995*

Forum Deusto

Proyecto Genoma Humano

por D. Santiago Grisolia*

Es un hecho histórico que sólo unas pocas personas y sus ideas han cambiado radicalmente a través de los años el rumbo de la medicina.

Baste recordar que las consideraciones de Galeno e Hipócrates fueron paradigmas hasta que Vesalio, hace menos de 500 años, inició las bases de la medicina moderna con sus descripciones anatómicas reales, dando así un salto cuantitativo. Más tarde, Virchow sentó los principios de la patología a nivel celular, Bernard inició la medicina experimental y Pasteur, con sus estudios sobre el origen bacteriano de una gran parte de las enfermedades infecciosas, sentó las bases para su prevención.

* Santiago Grisolia nació en Valencia en 1923. Se licenció en Medicina por la Universidad de Valencia en 1944, para a continuación ir a los Estados Unidos, donde permaneció desarrollando su trabajo de investigación y docencia durante 30 años. El Profesor Grisolia se doctoró en Medicina por la Universidad de Madrid. Desde 1988, es Presidente del Comité de Coordinación Científica de la UNESCO para el Proyecto Genoma Humano. Es, así mismo, Presidente ejecutivo de los Premios «Rey Jaime I»; Secretario de la Fundación Valenciana de Estudios Avanzados; Vicepresidente de la Fundación Jiménez Díaz; Asesor del Presidente de la Generalidad Valenciana para Ciencia y Tecnología; y Asesor de la Fundación BBV, Fundación Ferrer, Capítulo del Club de Roma, entre otros. Entre 1962 y 1973 fue Profesor del Dept. Bioquímica de la Universidad de Kansas Medical Center, de donde es Profesor Distinguido desde entonces. Es Doctor Honoris Causa por diez Universidades nacionales y extranjeras, así como Académico y Miembro de Honor de diversas Academias, Sociedades y Colegios. De 1976 a 1992 fue Director del Instituto de Investigaciones Citológicas. Es, además, Profesor Honorario de la Facultad de Medicina de Valencia. El Profesor Grisolia ha escrito una decena de libros y 600 publicaciones científicas y artículos de divulgación general. Cuenta en su haber con múltiples condecoraciones y premios, entre ellos, el Príncipe de Asturias de Investigación Científica y Técnica.

En realidad, el siglo xx ha conseguido el único hecho real de la medicina curativa al erradicar, o ser capaz de curar, una gran parte de las enfermedades infecciosas.

Me acuerdo de que, cuando era estudiante de medicina, se empezó a hablar del milagro de la penicilina. Poco antes se había descubierto las sulfamidias, que, si no recuerdo mal, no llegaron a España hasta después de la guerra civil. Poco después, cuando inicié mi carrera como enzimólogo, parecía imposible llegar a conocer el «mapa» del metabolismo intermediario, lo que se realizó en aproximadamente veinte años.

En este siglo que termina ahora, estamos ya embarcados en otra nueva revolución en medicina, que empezó con el reconocimiento de la importancia y función del ADN.

Estamos viviendo la segunda fase de la iniciación y desarrollo en los últimos treinta años de la biogenética, ampliando y extendiendo los conceptos de la biología molecular a la medicina.

Sin duda alguna, ha sido excelente el progreso en el conocimiento de la patogénesis de las enfermedades clásicamente llamadas genéticas, y en el aislamiento e identificación de genes relacionados con la enfermedad. Naturalmente, los avances en el conocimiento del genoma humano, es decir, la identificación de los aproximadamente 100.000 genes que lo comportan y su secuenciación, acelerarán estos avances.

Ahora bien, la terapia genética para las enfermedades genéticas —y hay muchos que creen que todas o la mayor parte de las enfermedades tienen una base genética— está todavía en su inicio y, aunque ofrece grandes esperanzas, provoca problemas serios desde el punto de vista pragmático y ético.

Como veremos más adelante, la mayor parte de los procedimientos actuales en la terapia genética se basan fundamentalmente en el uso de virus.

Hace pocos años, y casi simultáneamente, el distinguido investigador profesor Sinheimer y el Premio Nobel profesor Dulbecco propusieron la secuenciación del genoma humano. Ello es sin duda la mayor propuesta de la biología en términos de coste y esfuerzo, ya que promete excelentes logros, especialmente en medicina, como por ejemplo el desciframiento de enfermedades monogenéticas, como la enfermedad de Huntington, y de enfermedades poligenéticas, incluyen algunos tipos de cáncer, enfermedades mentales, etc. En realidad significa el

paso de una medicina paliativa a una preventiva y predictiva. Este proyecto conllevará también grandes avances en tecnología y en ciencia básica. El conocimiento detallado de los tres mil millones de pares de bases que componen el genoma humano y la localización de los genes que lo constituyen es sólo el principio. El genoma no sólo regula aspectos morfológicos como la estructura o la susceptibilidad al medio ambiente, sino también parte del comportamiento y capacidad intelectual. Cabe advertir que estos logros positivos presentarán también nuevos problemas sociales y éticos, entre otras razones porque el conocimiento del genoma puede afectar no sólo al individuo, sino también a sus familiares.

Se conoce como genoma el material genético total presente en una célula o en un organismo. Todos los seres vivos poseen un genoma. El material genético en animales tales como el hombre es el ácido desoxirribonucleico (ADN), y en éste están todas las instrucciones para la formación y para la actividad de toda la vida de sus células. Cada persona tiene aproximadamente 10^{12} - 10^{13} células. Cada una de estas células contiene el mismo complemento de ADN en duplicado en sus 22 pares de cromosomas, a excepción de las células sexuales, que sólo contienen una copia, y los hematíes de la sangre del hombre y de ciertos animales, ya que éstos no contienen ADN cromosomal porque han perdido el núcleo.

Para facilitar el conocimiento de, y/o explorar, cualquier territorio, ciudad, etc., es conveniente tener un mapa, y cuanto más detallado mejor. Si estudiamos el «mapa» de una célula, podemos ver dentro de ella el núcleo. Dentro del núcleo están los cromosomas. Si observamos un cromosoma con los medios apropiados vemos una serie de áreas muy ricas en ADN, que es donde están los genes. Existen unos 100.000 genes en el hombre, y en un mapa de baja resolución, llamado cariotipo (es decir una fotografía del conjunto de cromosomas teñidos por métodos apropiados), «de bandeado», se pueden reconocer unas 1.000 bandas correspondientes a la presencia del ADN. Esto quiere decir que, si distribuyésemos los genes de forma estadística, habría aproximadamente unos 100 genes por cada banda. Esto no es así: en algunas bandas hay más genes, y en otras menos.

Un gen tiene entre unos 10.000 y 2 millones de pares de bases. Las bases, como se dice para abreviar, son los componentes químicos del ADN, es decir, las pirimidinas, timina y citosina, y las purinas, adenina y guanina. Todas ellas están en el ADN en forma de desoxirribonucleótidos, es decir, contienen el azúcar desoxirribosa y un fosfato. Estas ba-

ses están siempre opuestas en las dos cadenas del ADN, de tal forma que siempre que haya una timina, tendremos una adenina opuesta, y siempre que haya una guanina, en la cadena contraria habrá una citosina.

La doble cadena de ADN está mantenida por uniones de hidrógeno. Estas uniones de hidrógeno entre las bases, a las que ya nos hemos referido, son uniones muy débiles, pero sin embargo, cuando hay muchas, se hace una unión fuerte. Esto permite que se expresen las dos características del ADN, es decir, la estabilidad y la capacidad de abrirse cuando es necesario, puesto que parte de las cadenas tienen que separarse para permitir la expresión de los genes y separarse enteramente cuando se duplica una célula. Si el ADN de una célula humana se extendiese tendría unos 3 metros. Ello indica que el ADN tiene que estar enormemente compactado dentro del núcleo. Como en el cuerpo humano hay unas 10^{12} a 10^{13} células, si todo el ADN de una persona se uniese en un hilo continuo, éste tendría una longitud de más de veinte veces la distancia que hay de la Tierra al Sol.

En el centro del núcleo hay un corpúsculo, el nucleolo. La mayor parte del núcleo la ocupa la cromatina (50 por 100 proteína y 50 por 100 ADN). En el nucleolo se forman los ácidos ribonucleicos ribosómicos. Los ácidos nucleicos —tanto en el núcleo como en el nucleolo— están como hemos indicado, muy condensados, y de una forma no conocida salen para formar en los ribosomas «las máquinas» de síntesis de proteínas, las macromoléculas de que todos estamos compuestos. El mecanismo de expresión del ADN se hace a través de un sistema muy elegante que propusieron Jacob y Monod. El ADN se abre para que un gen pueda expresarse, lo que permite hacer copias a través de un ARN mensajero, llamado así precisamente porque lleva el mensaje o información que había en el gen a los ribosomas. Una vez que entra esta información en los ribosomas «como si se tratase de una cinta magnética o telegráfica, de acuerdo con el código genético que consta de 3 bases o “letras”», atrae a los aminoácidos correspondientes a través del tRNA llamado RNA de Transferencia.

Si conocemos el mensajero es posible saber la proteína que se va a formar: el conocimiento de la proteína no nos permite conocer en su totalidad el ADN, pero sí las regiones del gen original que se expresan. Esto es así porque en los genes hay grandes porciones, llamadas intrones, que no se transmiten. Cuando se inicia la transcripción, el primer transcrito sí que lleva toda la información copiada del ADN, pero después, cuando se forma el mensajero, éste se deshace de todos los in-

trones, de tal forma que quedan únicamente los exones, y éstos son los que llevan la información a los ribosomas.

Un gen tiene como término medio unos 30.000 pares de bases, pero pueden ser más grandes o más pequeños. Los cambios en su composición, dependiendo del área, pueden ser o no importantes. Por ejemplo, puede haber un cambio de una base, una delección, una inserción, una traslocación, etc. Una muestra de lo importante que puede ser una parte crítica es un simple cambio de ADN reflejado en la presencia de un aminoácido anormal. Por ejemplo, la valina en vez del glutamato en la cadena β de la hemoglobina resulta en la anemia falciforme —enfermedad muy grave frecuente en los Estados Unidos, manifestada en grupos de personas procedentes de ciertas áreas de África. Estas personas, si se exponen a bajas concentraciones de oxígeno, sufren cambios extremos de formas en sus hematíes, por lo que es muy difícil que éstos puedan pasar a través de los capilares sanguíneos, produciéndoles grandes dolores, y la muerte a edad muy temprana. Si uno posee este tipo de defecto genético y se expone a bajas presiones de oxígeno, tendrá más posibilidad de que le ocurra un accidente de esta clase. Por eso en las academias de las Fuerzas Aéreas de los Estados Unidos se empezó a hacer el «despistaje» (screening) para la anemia falciforme. Esto conlleva la idea loable de protección, pero también la de prohibir que estos individuos puedan acudir a esta escuela, lo cual es discriminatorio. Este es un ejemplo de problemas que, con todos los nuevos avances y nuevas tecnologías, dan lugar a nuevos dilemas. De pasada vale recordar que el gen alterado, y la enfermedad consiguiente, protege no obstante de la malaria a los portadores, por lo que sin duda el gen anormal penetró, es decir, se extendió mucho en la población.

Se piensa obtener, en un año más aproximadamente, un mapa genético muy completo. La obtención de mapas genéticos está basada en el polimorfismo de los genes. Hasta hace poco era muy difícil y laborioso llegar a «mapear» genes, porque había que basarse en ciertas características y/o enfermedades utilizando grandes pedigrees, por ejemplo la combinación de ojos azules y la enfermedad de Huntington. Pero desde hace unos años, cuando se empezó a utilizar las enzimas de restricción y las variaciones en tándem que existen en el ADN, se adelantó mucho. Recordemos que todos somos muy parecidos, puesto que tenemos una cabeza, un corazón, etc., pero sin embargo somos muy diferentes. Lo mismo pasa con el ADN. Por lo tanto, este gran polimorfismo fenotípico se puede identificar a nivel genético con las enzimas de restricción, que sirven para cortar el ADN en diferentes áreas, siendo

éstas distintas de persona a persona. Al tiempo de escribir estas líneas, investigadores franceses y americanos han anunciado la resolución del mapa genético del cromosoma 21 y del Y. No sólo eso, sino que el grupo francés del doctor Cohen piensa hacer lo mismo para todo el genoma en un año más. Así pues, lo que parecía irreal no lo es, y debemos recordar que en el esquema propuesto por el doctor Watson se esperaba tardar tres años más para conseguir lo que el doctor Cohen quiere hacer en un año o poco más.

Si se analiza el comportamiento y la susceptibilidad a ciertas enfermedades de gemelos, se puede ver que los gemelos bivitelinos no se parecen más que otros hermanos entre sí. Esto es porque los gemelos bivitelinos vienen de óvulos o espermatozoides distintos, y ningún óvulo o espermatozoide en ninguna persona es igual a otro. La similitud reside en que como existen dos alelos por cada cromosoma que reciben del padre y de la madre, tienen un cierto parecido, además del debido al ambiente familiar. Sin embargo, en el caso de los gemelos univitelinos, como provienen de la división inicial de un óvulo fertilizado por un espermatozoide en dos células, y éstas a su vez se dividen, como normalmente sucede, estos gemelos serán muy parecidos. Por ello ciertos trastornos, incluidas las enfermedades mentales, son mucho más frecuentes en un gemelo univitelino cuando el otro los padece.

Cuando se comparan sujetos controles con los familiares de primer grado, se ve una clara indicación de carga genética. Es decir, en la esquizofrenia y en otras enfermedades mentales y hasta en el alcoholismo, las posibilidades de aparición de estos trastornos en los familiares de primer grado puede ser veinte veces mayor que en los sujetos controles. Este ejemplo indica claramente la importancia de llegar a conocer en detalle el mapa genético humano. Muchos creen que —como ya hemos dicho— la mayor parte de enfermedades, la susceptibilidad a ellas, tienen una base genética, incluyendo la diabetes y muchos casos de cáncer. Muchas veces ciertas enfermedades se desarrollan dependiendo de que el individuo esté expuesto a determinados factores. Recordemos que conocemos unas 4.000 enfermedades monogenéticas que afectan a personas que muchas veces padecen patologías muy graves. Lo que sucede es que una enfermedad monogenética individual no afecta a un colectivo muy grande, pero el número total de ellas sí, afecta al 2 o 3 por 100 de las personas vivas y, como éstas tienen familiares, directa o indirectamente a una gran proporción de la humanidad.

Las células sexuales del organismo, tanto el óvulo como el espermatozoide, tienen la mitad de cromosomas que las células somáticas,

puesto que así se evita que se dupliquen los cromosomas, como sucedería si no hubiese el proceso de meiosis. Durante éste hay entrecruzamientos de uno de los dos alelos, tanto de los de origen femenino como de los de origen masculino, y cuanto más se cruzan, es decir cuanto más distantes están los genes del punto de unión central, es mucho más fácil que haya intercambios. Estos intercambios conllevan que, aunque se mantenga sin cambiar parte de la información genética de los padres —es decir de un alelo del padre o de la madre—, parte de la información genética será mezcla de los otros dos alelos. Todo ello permite una gran diversidad —mezclas de genes— en los seres humanos, por lo que no hay dos personas que sean iguales.

Se puede conservar fragmentos del ADN introduciéndolos con vectores, en bacterias o levadura, para inmortalizarlos y aumentarlos, haciendo crecer estos microorganismos en el laboratorio para después analizarlos. Estos cultivos se conocen como «bibliotecas genéticas». Es decir, que si tenemos un genoma como el humano con 3.000 millones de pares de bases, podemos cortarlo en fragmentos, interesándonos que no sean demasiado pequeños, pues si lo son, es más difícil relacionarlos. Es como en un puzzle: cuanto más grande las piezas más fácil es componerlo. En bacteriófagos o bacterias pueden introducirse trozos de hasta 50.000 pares de bases. Por lo tanto se necesitarían muchos clones, es decir, muchos «tomos» para tener en la biblioteca todo el genoma humano. Además ésta estará todavía desorganizada, como un montón de libros reunidos al azar. Sin embargo, en lo que se llama «cromosomas artificiales de levadura» contienen trozos más grandes, de hasta más de 1 millón de pares de bases, y por lo tanto con aproximadamente 10.000 clones se podrían cubrir todo el genoma humano. Esta técnica ha sido la base del éxito del grupo del doctor Page (cromosoma 21) y del doctor Cohen (cromosoma Y). Además, está muy avanzado el conocimiento del cromosoma X utilizando también esta técnica.

En resumen, se corta el ADN con las tijeras de restricción, se introducen los fragmentos en bacterias, levaduras, etc. Después necesitamos analizar los fragmentos en los diferentes clones, que son los libros de la biblioteca. Los separaremos por electroforesis, y después identificaremos los trozos que se pueden solapar para intentar llegar a la ordenación lineal. Como se comprenderá esta es una labor muy tediosa que fundamentalmente se facilita gracias a los nuevos computadores y algoritmos. Así la tercera parte de los costes de analizar el genoma humano se calcula son gastos de computador.

En los últimos años el descubrimiento de la polimerasa de reacción en cadena ha revolucionado la genética. Teniendo en cuenta que estas polimerasas son enzimas muy estables al calor, hoy día con una cantidad muy pequeña de ADN —la presente en una célula, o en una raíz de pelo— puede conseguirse una gran cantidad de ADN en pocas horas —algo para lo que antes se necesitaba días o semanas. Esto tiene aplicaciones en muchos campos, por ejemplo para identificar organismos patógenos en horas cuando antes se necesitaban días o semanas. La polimerasa de reacción en cadena es quizá la tecnología más utilizada actualmente en todos los aspectos de investigación en genética y disciplinas afines.

Con máquinas de las que ya hay muchos tipos en el mercado se pueden analizar 100.000 pares de bases por día. En algunos laboratorios, por ejemplo en el del doctor Venter, existen muchas de estas máquinas trabajando al mismo tiempo. En este laboratorio se está intentando secuenciar parte de todos los c-ADN del cerebro —como se sabe, en el cerebro es en donde se expresa una gran parte de los genes—, lo que ha producido controversias por dos razones: 1) por sugerir que es más barato y eficaz (pues deja mucha información sin conocer) que secuenciar trozos enteros y 2) por intentar patentar estos trozos sin conocer a qué genes representan.

Como hemos dicho hay máquinas que permiten secuenciar más de 100.000 bases por día. Aunque la capacidad de estas máquinas es muy alta, todavía no es la suficiente desde el punto de vista de repetición, costes, etc. Se intenta llegar en los próximos años a un coste mucho más bajo. El coste actual es de unos dos dólares por base, y quiere llegarse pronto a las 10 pesetas por base, lo que permitiría, como dice el profesor Gilbert en Documenta (Fundación BBV, Proyecto Genoma Humano: Ética), que dentro de 20 o 25 años se pudiese comprar en la farmacia el propio disco genético por unos miles de pesetas. Varios de los comentarios y referencias citados en este artículo proceden de esta publicación.

Todavía queda mucho por hacer, y por lo tanto la tecnología se va desarrollando cada vez más, lo que no hubiese ocurrido sin el proyecto, como ha sucedido con otras grandes empresas científicas. Así se está estudiando un procedimiento iniciado por investigadores yugoslavos y japoneses, y proseguido ahora por ingleses, que permitirá reconocer con la ayuda de un «chip» biológico conteniendo octámeros de bases, aumentar la velocidad de análisis quizá 100 veces o más.

Para no cansar al lector no indicamos aquí los métodos propuestos para reconocer trozos de secuencias únicas con una parte relativamen-

te pequeña, las llamadas STS sites, y que permiten enviar esta información a otros laboratorios, en vez de clones; con ello y con ayuda de la PCR estos ADN podrán ser duplicados fácilmente en otros laboratorios.

Hasta ahora hemos hablado especialmente de problemas y avances tecnológicos. Pero también hay temores, como sucede con cualquier avance científico, incluyendo la producción de «quimeras» de la ciencia ficción. Pero en realidad, cuando introducimos el ADN humano en bacterias, tal y como se utiliza en la práctica para obtener una gran parte de los nuevos productos de la biotecnología, la insulina humana, o la hormona del crecimiento, estamos haciendo híbridos que son quimeras. Se han obtenido ya muchas quimeras, por ejemplo mediante el cruce de una oveja y de una cabra. En el futuro se obtendrán cada vez más animales con información genética humana, sobre todo por la industria farmacéutica.

Hay otros aspectos que también atraen mucho. Se han suscitado, por ejemplo, grandes esperanzas, sobre todo en llegar a obtener o utilizar los medios genéticos para curar enfermedades. El precioso libro del doctor Cerdá-Olmedo muestra una pintura de San Cosme y San Damián, patronos de los médicos, en la que, quizá con buena intención, se les ve haciendo un trasplante de un hombre negro a uno blanco. Esto no es naturalmente fácil, pero me permite recordar que en realidad se trata de una idea pionera y antirracista, puesto que, como advierte el genetista de poblaciones italiano A. Piazza, «hay más diferencias entre los individuos de cualquiera de las llamadas razas que entre las razas entre sí».

El llamado «niño-burbuja» tenía una gravísima deficiencia inmunitaria debida a la falta de la adenosina deaminasa. En los Estados Unidos se está ya tratando esta enfermedad con un gran éxito, por métodos basados en la modificación de células somáticas (linfocitos modificados), que luego se hacen crecer y después se inyectan. ¡Los niños tratados están perfectamente bien más de dos años después! Esto no quiere decir que el tratamiento valga para siempre, pues habrá que repetirlo, pero afortunadamente parece ser que las células modificadas viven en el paciente más de lo que se creía. Este tipo de tratamiento no presenta en modo alguno problemas éticos: es como cambiarse una dentadura o ponerse una pierna artificial. De forma un poco distinta, esto es también lo que se está haciendo en el tratamiento de ciertos tumores, por ejemplo en el del melanoma maligno por el grupo del doctor Rosenberg, que está añadiendo el factor de necrosis tumoral a ciertas células sanguíneas de los enfermos, que después se vuelven a

inyectar en estas personas. Esta nueva terapia se aplicará más frecuentemente con otras enfermedades. Al interesado le remito a los recientes artículos en los que se discute la forma en que avances insospechados en ciencia básica sugieren que la terapia genética será una realidad en el futuro próximo. Se piensa que hasta se podrá utilizar estos métodos en medicina preventiva, corrigiendo las lipoproteínas de baja densidad inmediatamente después del nacimiento en niños propensos a sufrir hipercolesterinemia por razones genéticas. Se multiplica el número de vehículos para la terapia genética, no sólo linfocitos, sino también células epiteliales, entoteliales y mioblastos. Además de los retrovirus se empiezan a emplear virus que contienen ADN (adenovirus) y vehículos sintéticos. El desarrollo es tal que se acaba de constituir una Asociación Europea de Terapia Genética, que celebró su primera reunión en el castillo de Maffliers los días 16 y 17 de octubre de 1992.

Otra pregunta que nos hacemos frecuentemente es si todo está en nuestros genes, es decir, si hay un determinismo puro o si el medio ambiente es importante. De esto último no cabe ninguna duda. No se puede aceptar un determinismo absoluto: una buena o mala palabra, por ejemplo, puede tener un enorme efecto en una persona. El medio varía siempre: así ocurre, por ejemplo, con la cantidad de luz que dos gemelos univitelinos reciben dependiendo de dónde estén o se sienten. Es más fácil llegar a ser un buen científico naciendo en Londres o París que en Madagascar o Guinea. Pero si no se tienen ciertos genes, no ocurrirán ciertas cosas.

Hasta ahora lo que he intentado es ilustrar el convencimiento que tenemos los científicos de que hay que proteger al individuo a toda costa, pero que también tenemos que proteger a la sociedad. Por eso lo que tenemos que hacer es hablar muy claro, puesto que los genes dominantes, por ejemplo el de la fibrosis quística, más corriente en personas de raza blanca, puede extenderse. Antes los niños que tenían esta enfermedad se morían muy pronto. Ahora, con los avances médicos, se pueden mantener muchos años vivos, pero entonces también son capaces de tener descendientes, aumentando la penetración de esta alteración genética en la sociedad. Además hay evidencias de que varias enfermedades van aumentando su gravedad con las generaciones.

Por lo tanto, y sin que recomiende un procedimiento concreto a seguir, tenemos que informar a las personas para que éstas puedan llegar a una solución aceptable para ellos y para los demás. Así, cuando Nancy Wexler y su hermana supieron lo que le sucedía a su madre, y

que tenían el 50 por 100 de posibilidades de contraer la enfermedad de Huntington, decidieron no tener hijos. Afortunadamente hasta ahora a Nancy no le ha pasado nada, y ella no ha querido utilizar la sonda que le puede permitir saber si va a sufrir o no esta enfermedad. Curiosamente, esta sonda se obtuvo gracias, en gran parte, a su esfuerzo. Muchos de estos problemas se trataron en el Seminario Monográfico sobre Ética y Cooperación Internacional para el Proyecto Genoma Humano celebrado en Valencia en noviembre de 1990.

Los postulados de Darwin produjeron casi una revolución, fueron criticados acerbamente y aun hoy siguen siendo denunciados por ciertos grupos. Sin duda, la genética, especialmente la nueva genética, con sus poderosos métodos, ha confirmado plenamente la idea de la evolución. Como se expone en el libro Documento 1, de la Fundación BBV, existen graves reservas por parte de algunas creencias, pero al mismo tiempo la inevitable evidencia científica hace pensar que en un futuro sea más aceptable la idea de que ciencia y fe no son opuestas.

En mi opinión, el esclarecimiento del genoma humano ofrece una oportunidad única para lograr el acercamiento definitivo entre las religiones, y entre éstas y la ciencia, ya que las religiones han servido durante muchos siglos para mantener y propagar el conocimiento y la ciencia.

Es de esperar que las controversias científico-filosóficas de siglos pasados, y especialmente del actual, cristalizarán en una mutua dependencia e integración en la que el conocimiento del genoma humano será pieza clave. La valoración hipertrofiada del espíritu y las utopías de los «profetas» del futurismo científico irán evolucionando hacia un espíritu de reflexión y cooperación, pieza clave para mejorar el ámbito social.

