

Lectura

EL ADN RENATURALIZADO

Los trabajos de Doty y Marmur en 1960 descubrieron que si se calentaba a unos 100 °C y durante una media hora, una molécula de ADN en doble hélice, todos los puentes de hidrógeno se rompían y las cadenas se separaban. Si posteriormente estas cadenas simples de ADN **desnaturalizado** se dejaban enfriar lentamente, se formaban algunas moléculas nuevas de ADN de doble hélice. Este ADN **renaturalizado** obtenido por reasociación presentaba un comportamiento biológico normal. Este hecho constituye un poderoso instrumento en la investigación, ya que si se parte de ADN de diferentes individuos, según el grado de reasociación de las cadenas, puede deducirse el grado de parentesco entre ellos.

1. En el caso de un homicidio, en el que se dispone de células sanguíneas del asesino, y en el que no hay ningún inconveniente por parte del acusado a que se haga un análisis de ADN, explica qué pasos deberían llevarse a cabo para realizar dicho análisis.
2. Para llevar a cabo pruebas de paternidad. En 1995 unos médicos de la Universidad de Granada probaron mediante estas técnicas que dos mellizas eran hijas de padres diferentes. Explica científicamente este caso.
3. Se ha descubierto que ciertos virus provocan la aparición de células cancerosas en el ratón. Mediante técnicas de calentamiento (fusión) se ha obtenido ADN desnaturalizado de virus, de células cancerosas y de células normales. Tras un enfriamiento lento se ha observado que el ADN vírico se ha reasociado muy bien con el de la célula cancerosa, y no lo ha hecho con el de la célula normal. ¿Qué interpretación se puede dar a este hecho? ¿Cómo se podría prevenir este tipo de cáncer?



El estudio del ADN de estas tres especies de garzas nos desvelaría su proximidad evolutiva.

- a) Garza real.
- b) Garza imperial.
- c) Garza Goliath.

4. En una investigación zoológica se encuentran dificultades para establecer si tres especies son igualmente distintas o si dos de ellas son más próximas, es decir, si tienen un antepasado común. Explica cómo se podría realizar un análisis de ADN para resolver este problema y qué cabe esperar si dos de ellas tienen un mayor grado de parentesco.

Cuestiones:

1. En este esquema se observa una doble hélice de ADN en la que una hebra ha sufrido la pérdida de un segmento.
 - a) ¿Qué tipo de enlaces se han roto?
 - b) ¿Cuáles serán los nucleótidos que se añadirán, en qué orden, y a partir de qué extremo?
 - c) ¿Qué enzima lo realizará?
2. Respecto a la duplicación del ADN, contesta a las siguientes preguntas:
 - a) ¿A qué velocidad se añadirán los nuevos nucleótidos complementarios?
 - b) ¿Cómo son las dos hebras entre sí?
 - c) ¿Puede tener alguna ventaja la aparición de «errores» que no perjudiquen la supervivencia del individuo?
 - d) ¿Cómo se denominan, en general, estos errores?
3. ¿Qué posibles ventajas nos pueden reportar la identificación y secuenciación del genoma humano?

SOBRE EL PROYECTO GENOMA

Como sabes, los investigadores de todo el mundo implicados en el ambicioso Proyecto Genoma humano aseguran que para el año 2000 habrán finalizado su objetivo: la lectura de los 3.000 millones de «letras» (nucleótidos) que componen nuestra biblioteca genética.

Con esta información se podrá identificar el origen de las enfermedades hereditarias. Éstas podrán ser detectadas incluso en los embriones, gracias a sencillos tests genéticos y se tratarán mediante la terapia génica, el revolucionario tratamiento que permite reemplazar genes defectuosos por otros sanos, pero que no está exento de riesgos.

¿Cuál es el límite entre prevenir enfermedades hereditarias y mejorar la raza? ¿Tenemos derecho a inmiscuirnos en la evolución humana?