



Cuaderno N° 69. ADN Detective

El análisis del ADN y sus aplicaciones

En más de un caso ficticio o real se ha escuchado hablar del “análisis de ADN” para determinar parentescos e identificar criminales. Efectivamente, debido a que todos los individuos son diferentes, las moléculas de ADN permiten identificarlos y resolver casos de filiación y de criminología. Pero, el análisis de ADN tiene otras aplicaciones de interés para el hombre. Por ejemplo, sirve para diferenciar variedades de cultivos, identificar cepas de microorganismos causantes de enfermedades, reconocer animales valuados en miles de dólares (caballos de carrera, toros sementales), acelerar programas de mejoramiento genético de especies vegetales y animales, e identificar biodiversidad, entre otras aplicaciones.

El desarrollo de estas técnicas llegó de la mano de la genética humana, lo que trajo aparejado cuestionamientos éticos y sociales importantes. En esta edición de El Cuaderno se explicarán las técnicas que emplean ADN para identificar individuos y para otros fines.

Identificación de individuos: de las huellas dactilares al ADN

Cada individuo es único, y esa individualidad fue evidenciada en las huellas dactilares a fines del siglo XIX por Juan Vucetich, científico de la policía de la provincia de Buenos Aires, Argentina. Vucetich ideó un sistema para identificar a las personas por el rastro que dejaban los dibujos de las yemas de sus dedos. El primer crimen resuelto en el mundo con este sistema fue en junio de 1892 en la ciudad de Necochea, provincia de Buenos Aires. Hoy se utilizan las huellas dactilares en todos los prontuarios policiales del mundo y en el Documento Nacional de Identidad de algunos países.

El siglo XX se caracterizó, desde el punto de vista científico-biológico, por tratar de entender la diferencia entre los individuos desde el punto de vista genético. Además, desde el ámbito criminalístico se buscaron herramientas del campo de la bioquímica que permitieran identificar individuos utilizando otras muestras y evidencias biológicas, además de las huellas dactilares. Así, comenzaron a utilizarse los grupos sanguíneos y moléculas que sirven como “marcadores” (por ejemplo, antígenos leucocitarios). Pero, su potencial resultó ser limitado ya que existe poca variabilidad entre personas para esos marcadores, y porque no siempre la muestra con la que se cuenta es suficiente para realizar las pruebas.

La muestra biológica ideal para caracterizar individuos sería aquella que contenga gran variabilidad entre individuos, que se pueda estudiar incluso con muy pocas cantidades e independientemente del paso del tiempo (horas, días, meses o años), que sea automatizable y relativamente fácil de interpretar. La solución la aportaría en la década de 1980 la biología molecular y los polimorfismos del ADN.

"El Cuaderno de Por Qué Biotecnología" es una herramienta didáctica creada y desarrollada por el equipo pedagógico del Programa Educativo Por Qué Biotecnología. Su reproducción está autorizada bajo la condición de que se aclare la autoría y propiedad de este recurso pedagógico por parte del Programa Educativo Por Qué Biotecnología.



Variabilidad o Polimorfismos del ADN

Todos los organismos tienen su ADN constituido a partir de las mismas cuatro unidades (adenina, citosina, timina y guanina). Por lo tanto, la diferencia entre los organismos radica en la secuencia de ADN, es decir, cómo estas unidades se combinan una detrás de otra a lo largo de los cromosomas. El genoma de los organismos está formado por secuencias específicas de ADN, o genes, que codifican para la síntesis de proteínas, y por el resto del ADN que no codifica para proteínas pero juega un papel importante en la estructura y función de los cromosomas. Las “secuencias no codificantes” constituyen una porción importante del genoma (por ejemplo, 98% en humanos y 15% en bacterias), y se encuentran separando un gen de otro, en los extremos de los cromosomas, en el centrómero, etc.

Como el ADN no codificante es el de mayor proporción en organismos eucariontes, existe mayor probabilidad de que las mutaciones “caigan” en esas zonas. Como las mutaciones que se producen en las regiones no codificantes no sufren una presión de selección tan importante como las mutaciones que se producen en los genes, se acumulan a lo largo de la evolución. Por eso, las regiones no codificantes aportan la mayor variabilidad a nivel del genoma.

El conocimiento de la estructura y composición del ADN de distintos organismos reveló también que los genomas eucariotas son ricos en secuencias repetidas, las cuales se encuentran dispersas en cantidad variable por todo el genoma, mayormente en las regiones no codificantes.

Además, una misma región de ADN puede tener diferentes secuencias en los individuos. Estas distintas secuencias se conocen como “variables alélicas” o alelos (uno proviene del padre y el otro de la madre). Cuando, dentro de una población, una región del ADN presenta sólo dos variantes se la denomina “dimórfica” y cuando presenta varias formas distintas se dice que es “polimórfica”. Para poder determinar si una región de ADN es polimórfica, se analiza su secuencia en varios individuos y si se encuentran muchas variantes, entonces se trata de un polimorfismo de ADN. Las regiones polimórficas aportan información importante para identificar individuos. Los polimorfismos más utilizados para la identificación de individuos son de dos tipos: i) las secuencias repetitivas y ii) las mutaciones puntuales.

Análisis de secuencias repetitivas para la identificación de individuos

Se las denomina *secuencias repetitivas en tándem en número variable* (VNTR por las iniciales en inglés) o *ADN satélite*. El ADN satélite está constituido por secuencias cortas mayormente no codificantes que se repiten en tándem, es decir, de manera continua, un cierto número de veces, en una determinada zona del ADN. Estos fragmentos se clasifican acorde a la cantidad de pares de bases (pb) que forman la unidad de repetición como *satélites*, *minisatélites* y *microsatélites* (>100 pb, entre 10-100 pb y entre 2-6 pb, respectivamente). Cada uno tiene utilidad en distintos estudios, por ejemplo: los satélites sirven para diferenciar especies; los minisatélites son los elementos más polimórficos en el genoma humano, por lo cual se los utiliza en la identificación de personas; y los microsatélites son muy comunes en las especies vegetales, insectos y vertebrados.

"El Cuaderno de Por Qué Biotecnología" es una herramienta didáctica creada y desarrollada por el equipo pedagógico del Programa Educativo Por Qué Biotecnología. Su reproducción está autorizada bajo la condición de que se aclare la autoría y propiedad de este recurso pedagógico por parte del Programa Educativo Por Qué Biotecnología.

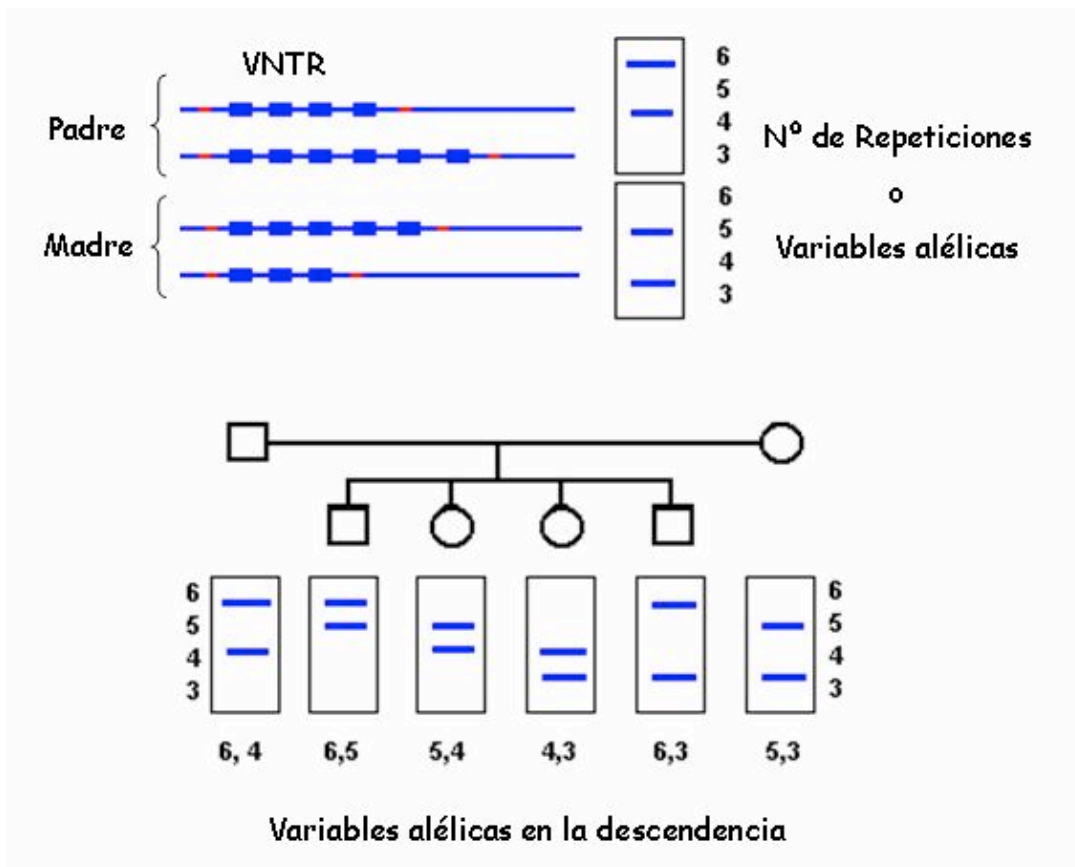


Para que puedan ser utilizadas en la identificación de individuos o especies se debe conocer previamente el tamaño de las unidades de repetición y su secuencia. Por eso, las técnicas de identificación basadas en ADN satélite requieren de un cierto conocimiento previo del genoma de la especie en estudio. En general, este tipo de ADN muestra una variabilidad excepcional entre individuos, particularmente en lo que respecta al número de repeticiones en cada lugar o *locus*, y esto es importante para la identificación.

De la teoría a la práctica: marcas y bandas en “códigos de barra”

Es posible localizar regiones del cromosoma que tienen ADN repetitivo con una cierta secuencia por medio de:

- a) técnicas que estudian los cromosomas al microscopio: permiten observar diferencias en cuanto al sitio de localización de los fragmentos repetitivos. Se debe contar con una sonda marcada fluorescentemente y tener células en estado de mitosis para observar resultados. Se aplica preferentemente para diferenciar especies.
- b) técnicas de biología molecular: se utiliza mayormente la PCR para amplificar específicamente la región repetitiva (ver El Cuaderno 67). Como muestra el siguiente esquema, los individuos de una familia se pueden diferenciar por el número de repeticiones de un fragmento de ADN presente en un lugar específico de un cromosoma.



El esquema muestra un par de cromosomas paternos, y el mismo par de cromosomas maternos, en los cuales un fragmento de ADN satélite se repite. Si el padre tiene una secuencia de 20 pares de bases repetida 4 veces en el cromosoma 1, y 6 veces en el cromosoma 1' (el cromosoma homólogo), la PCR dará como producto un fragmento de 80 pb y otro de 120 pb para ese individuo. En la madre el mismo fragmento se repite 5 veces en un cromosoma y 3 veces en su homólogo. Los hijos presentan en ese par de cromosomas homólogos una combinación de alelos de los padres para ese fragmento de ADN repetitivo.

(Nota: en el Padre y la Madre las líneas representan cromosomas homólogos y NO una doble hebra de ADN.)

Importancia del análisis de ADN Satélite para la biotecnología

La localización de sectores de ADN repetitivo permite establecer “marcas” en la molécula de ADN y armar una especie de “mapa” de ese cromosoma. Por ello, las técnicas que utilizan ADN satélites se incluyen dentro de las técnicas de “*marcadores moleculares*”. Los marcadores moleculares basados en ADN satélites son muy utilizados en los proyectos genoma para construir un mapa de referencia en el cual ir localizando las secuencias parciales del genoma que se van obteniendo. También son de mucha utilidad cuando se quiere localizar y aislar un gen dentro de un cromosoma.

"El Cuaderno de Por Qué Biotecnología" es una herramienta didáctica creada y desarrollada por el equipo pedagógico del Programa Educativo Por Qué Biotecnología. Su reproducción está autorizada bajo la condición de que se aclare la autoría y propiedad de este recurso pedagógico por parte del Programa Educativo Por Qué Biotecnología.



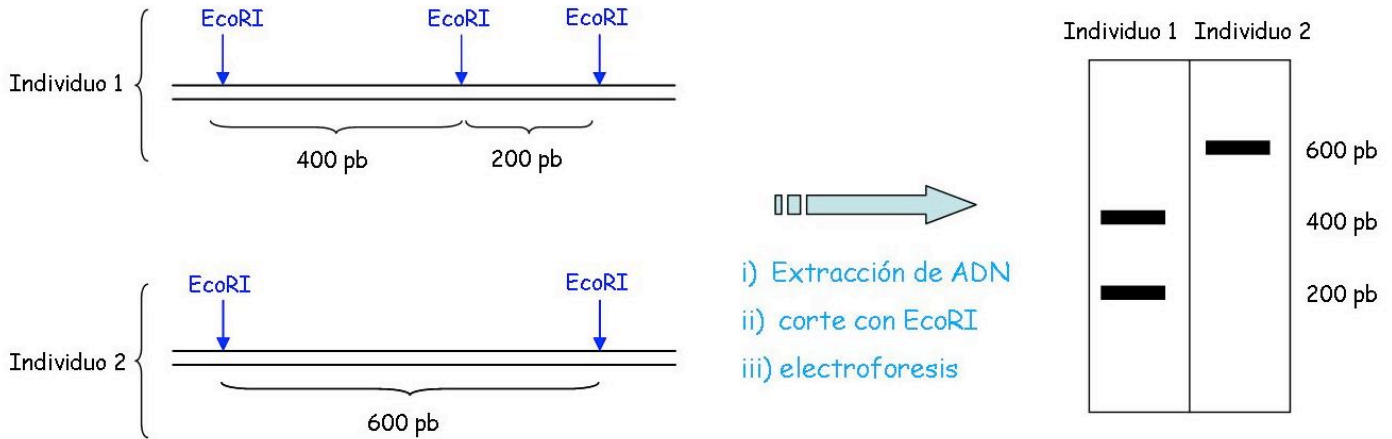
El desarrollo de un “mapa genético” por medio de marcadores es también de gran interés en los programas de mejoramiento de especies por técnicas convencionales de cruzamientos. Al contar con estos marcadores es posible analizar la composición genotípica de los individuos y diferenciar y seleccionar los descendientes deseados sin tener que esperar a que crezcan para detectar diferencias, acelerando así los tiempos de los programas de mejoramiento. Esta aplicación biotecnológica se conoce como “Mejoramiento Asistido por Marcadores” (o MAS, por sus iniciales en inglés *Marker Assisted Selection*). Estos marcadores también permiten garantizar la identidad y calidad de las semillas y de los animales de interés, ofreciendo así una garantía extra al productor agropecuario al momento de realizar una compra legal.

Otra aplicación de estas técnicas es el estudio de la biodiversidad: la aplicación de marcadores moleculares sobre individuos de una misma población y/o especie permite analizar cuán distintos son genotípicamente esos individuos (aún cuando no se detecten diferencias fenotípicas), estimando así la riqueza y variabilidad genética de las poblaciones y especies.

Análisis de mutaciones puntuales para la identificación de individuos

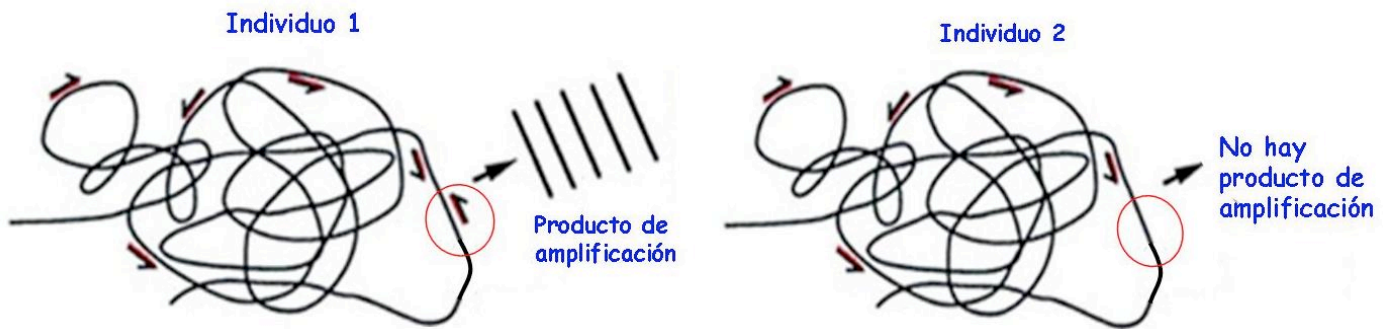
Entre las diferencias en la secuencia del ADN de distintos individuos están las mutaciones puntuales, es decir, el cambio de un nucleótido por otro. Esta mutación puede no traer ninguna consecuencia biológica, pero sí puede detectarse al aplicar alguna técnica de laboratorio, como el corte del ADN con enzimas de restricción (ver El Cuaderno 34) o PCR (ver El Cuaderno 67).

En lo que respecta a las enzimas de restricción, una mutación puede provocar que desaparezca (o se genere) un sitio de restricción en comparación con otro individuo que no tiene esa mutación. Ello hará que se generen fragmentos de distinta longitud cuando se trate al ADN con la enzima en cuestión, como se indica en la figura. Este es el principio de la técnica conocida como “Polimorfismo en la longitud de los fragmentos de restricción” o RFLP (por las iniciales en inglés *Restriction Fragment Length Polymorphisms*)



Esquema que representa la técnica de RFLP. Debido a una mutación en un sector particular del ADN, la misma enzima de restricción (*EcoRI*) genera fragmentos de diferente tamaño en dos individuos. (Nota: en el Individuo 1 y 2 las líneas representan la doble hebra de ADN.)

También es posible identificar individuos a partir de mutaciones puntuales mediante la amplificación aleatoria por PCR (“Polimorfismos de ADN por Amplificación Aleatoria” o RAPD por las siglas en inglés *Random Amplification of Polymorphic DNA*). Las mutaciones puntuales en los genomas de los distintos individuos harán que un cierto fragmento de amplificación se pueda generar o no, lo cual se verá reflejado en el posterior “patrón de bandas” de la electroforesis en gel, como se representa en el siguiente esquema:



Esquema que representa la amplificación aleatoria por PCR. El individuo 1 y el 2 difieren en secuencia en la región marcada con círculo rojo, debido a una mutación puntual, y esta diferencia en el ADN provoca que no se obtenga producto de PCR sobre esa región del ADN para el individuo 2. En un gel de agarosa se verá esa banda en el individuo 1, pero no se verá en individuo 2.

"El Cuaderno de Por Qué Biotecnología" es una herramienta didáctica creada y desarrollada por el equipo pedagógico del Programa Educativo Por Qué Biotecnología. Su reproducción está autorizada bajo la condición de que se aclare la autoría y propiedad de este recurso pedagógico por parte del Programa Educativo Por Qué Biotecnología.



Importancia biotecnológica de las técnicas basadas en mutaciones puntuales

Estas técnicas permiten una primera aproximación al estudio molecular de especies sobre las cuales no se cuenta con conocimientos previos. Están siendo aplicadas para caracterizar los germoplasmas de muchas especies, para poder analizar la riqueza genética de las mismas y se aplican tanto en animales, vegetales, y hongos. También se utilizan en programas de mejoramiento genético y como marcadores moleculares para el clonado de genes.

Ventajas de las técnicas basadas en ADN para caracterizar e identificar individuos

- Cuando se aplican las técnicas descritas utilizando varios marcadores a la vez, es posible identificar a un individuo de entre billones de otros individuos, mucho más que por los caracteres morfológicos-fenotípicos.
- Las técnicas basadas en ADN pueden ser acopladas a PCR y permiten trabajar con muy poca cantidad de muestra inicial, ya que poseen alta sensibilidad.
- Los métodos basados en ADN pueden realizarse sobre prácticamente cualquier tipo de muestra biológica, mientras que los basados en grupo sanguíneo o las huellas dactilares sólo pueden realizarse con sangre o huellas que hayan quedado impresas en algún sitio.
- La molécula de ADN es mucho más estable en el tiempo que las proteínas, y esto permite utilizar muestras que han estado sometidas a fuertes cambios (de pH, temperatura, solventes, etc).

ADN: 50 años no es nada

Como es posible apreciar, el conocimiento de la estructura del ADN hace apenas unas cinco décadas ha permitido abrir más puertas que las seguramente imaginadas por los mismos descubridores, Watson y Crick. Lo dichoso para estos dos científicos es que ha sido tan precipitadamente, que lo han podido ver en vida. La primera publicación científica sobre el uso de marcadores moleculares de ADN para la identificación de individuos fue hecha por Sir Alec Jeffreys de Inglaterra en 1985. En el mismo año, a raíz de la divulgación de este tema, un primer caso judicial fue resuelto utilizando “Huellas Genéticas”. A partir de allí, el ADN empezó a ser estrella en muchos casos judiciales, pero también abrió las puertas para debates éticos, como la discriminación basada en las “huellas genéticas”. ¿Quién hubiera imaginado que las técnicas basadas en ADN permitirían identificar a un individuo antes de que el cigoto realice la primera mitosis? ¿O que algún día permitiría afirmar que el hombre de Neandertal no es antecesor del hombre actual? ¿O que el caballo por el que se han pagado millones de dólares no es el original, a pesar de ser idéntico por fuera? Cuántas cuestiones más se seguirán resolviendo utilizando las técnicas de marcadores moleculares, es sólo cuestión de formular correctamente la pregunta para que esta molécula sirva de evidencia.

"El Cuaderno de Por Qué Biotecnología" es una herramienta didáctica creada y desarrollada por el equipo pedagógico del Programa Educativo Por Qué Biotecnología. Su reproducción está autorizada bajo la condición de que se aclare la autoría y propiedad de este recurso pedagógico por parte del Programa Educativo Por Qué Biotecnología.



Actividades

Objetivos:

1. Repasar los conceptos explicados en el texto.
2. Comprender la importancia de conocer la estructura del ADN para el avance científico – tecnológico.
3. Interpretar la aplicación de las técnicas basadas en ADN para la resolución de casos concretos.

Destinatarios y Conceptos relacionados

El tema abordado en este cuaderno presenta cierta dificultad por lo cual se requieren conocimientos básicos de genética y de la estructura del ADN para su interpretación. Por este motivo se sugiere trabajarlos con alumnos del nivel Polimodal. Los temas de este Cuaderno se pueden aplicar al trabajar temas vinculados con la unidad y la diversidad de los seres vivos, la estructura del ADN, la genética, la diversidad fenotípica y la variabilidad genética, las mutaciones, y la ingeniería genética.

Consideraciones metodológicas

Debido a la complejidad que presentan estas técnicas se sugiere trabajar previamente los contenidos explicados en los Cuadernos N° 65 y N° 67.

Como se sugiere habitualmente, es interesante comenzar el tratamiento del tema indagando acerca de las ideas previas de los alumnos, fundamentalmente en lo referido al análisis de ADN que es un tema que en los últimos años tiene cada vez más espacio en los medios de comunicación. Incluso se puede realizar una actividad previa de búsqueda de noticias que involucren esta temática en medios gráficos, como periódicos, o en internet. De esta forma, los mismos alumnos podrán incursionar en las aplicaciones de las técnicas basadas en el análisis del ADN.

Incluso, se puede coordinar con docentes de historia para trabajar este tema en relación con el reconocimiento de hijos de desaparecidos durante la última dictadura militar en la Argentina, e investigar acerca de la tarea que realiza el Banco Nacional de Datos Genéticos del Hospital Durand, en Buenos Aires.

Otro aspecto interesante a destacar es el hecho de que el ADN codificante es la mínima porción del total del ADN en los seres humanos. Más interesante aún, el hecho de que alrededor del 99% del ADN de todos los seres humanos es idéntico y, a pesar de eso, no hay un individuo idéntico al otro (con excepción de los gemelos). Es decir, destacar con los alumnos los conceptos de *unidad* y *diversidad*.

Por último se sugiere trabajar con los alumnos las técnicas explicadas en el texto con ayuda de los esquemas propuestos o de otros que los complementen, y comprender las aplicaciones y las ventajas que estas técnicas tienen particularmente en el área de la biotecnología.

"El Cuaderno de Por Qué Biotecnología" es una herramienta didáctica creada y desarrollada por el equipo pedagógico del Programa Educativo Por Qué Biotecnología. Su reproducción está autorizada bajo la condición de que se aclare la autoría y propiedad de este recurso pedagógico por parte del Programa Educativo Por Qué Biotecnología.



Además de las actividades propuestas en esta sección se sugiere resolver la **Actividad 3 en El Cuaderno N° 55** para un ejemplo de uso de técnicas de ADN en la resolución de casos judiciales.

Actividad 1. Comprensión de conceptos

1. ¿Por qué es posible emplear el ADN como método de reconocimiento de individuos?
Rta.: porque el ADN de todos los individuos presenta diferencias en su secuencia.
2. ¿Cuáles son los casos más comunes que se difunden acerca de la utilización de análisis de ADN? Rta.: Casos de filiación y resolución de crímenes.
3. En la escena de un crimen, ¿cómo es posible obtener ADN del sospechoso? Rta. En la escena del crimen deberían encontrarse muestras biológicas (sangre, semen, cabellos) del sospechoso de los cuales extraer ADN.
4. ¿Cómo sería posible corroborar que el sospechoso es efectivamente el culpable? Rta. Habría que encontrar al sospechoso, extraerle ADN y compararlo con el ADN hallado en el escenario del crimen.
5. En ocasiones se analiza la estructura y el color de un cabello encontrado en la escena del crimen o el tipo de sangre de una muestra hallada, como evidencia para inculpar a una persona. ¿Cuál es la ventaja del análisis del ADN frente a esas evidencias? Rta. El análisis de ADN es preciso en casi un 100% en identificar a una persona. Ya que dos personas pueden tener semejanzas fenotípicas (aunque su ADN no sea igual), al basarse en evidencias fenotípicas se podría estar condenando a un inocente.
6. ¿Qué es un polimorfismo de ADN? Rta.: la posibilidad de que para una misma secuencia de ADN existan distintas formas.
7. ¿Qué son las variantes alélicas (o alelos) en estos casos? Rta.: cada una de las distintas formas (o secuencias) que adopta un fragmento determinado del ADN para cada caso.
8. ¿Cuáles son los tipos principales de polimorfismos de ADN que se utilizan para caracterizar individuos? Rta.: las secuencias repetitivas (VNTR) y las mutaciones puntuales.
9. ¿Cuál de ellos presenta la ventaja de poder ser utilizado sin conocer nada del genoma de la especie en estudio? Rta.: las mutaciones puntuales que provocan cambios en los sitios de restricción o en la reacción de PCR por RAPD.
10. ¿Cuáles son las ventajas de utilizar marcadores moleculares de ADN sobre los otros métodos?

"El Cuaderno de Por Qué Biotecnología" es una herramienta didáctica creada y desarrollada por el equipo pedagógico del Programa Educativo Por Qué Biotecnología. Su reproducción está autorizada bajo la condición de que se aclare la autoría y propiedad de este recurso pedagógico por parte del Programa Educativo Por Qué Biotecnología.



11. ¿Qué es un marcador molecular? Rta.: cualquier molécula que sirva para identificar o caracterizar un objeto de estudio.
12. ¿Qué es un marcador molecular de ADN? Rta.: cualquiera de los polimorfismos que permitan caracterizar especies, individuos, etc.
13. ¿En qué campos de la ciencia se pueden aplicar los marcadores moleculares? Rta: en caracterización de biodiversidad, en programas de mejoramiento genético, en proyectos genoma, en clonado de genes, en medicina forense, etc.

Actividad 2. Análisis de Biodiversidad

Una de las aplicaciones de los marcadores moleculares es dar un estimativo de la riqueza genética de una especie. Las especies de mayor interés mundial, como el trigo, el maíz, la papa, etc, ya cuentan con programas de análisis genético, y mejoramiento basados en marcadores moleculares. Pero los cultivos de interés local, especialmente en países en desarrollo, no están caracterizados tan exhaustivamente.

En este contexto, se propone una actividad de investigación por la cual los alumnos identifiquen cultivos regionales de importancia económica y cultural local y averigüen con las instituciones de investigación pública de cada zona (Universidades, institutos públicos de investigación agropecuaria, etc) si existen programas para evaluar la variabilidad del germoplasma de dichas especies.

A modo de ejemplo: en la región del Noroeste Argentino, existen cultivos propios de la zona, como la quinoa o el amaranto, de gran valor nutricional, pero de valor comercial netamente regional. Los alumnos podrían contactarse con investigadores de las Estaciones Experimentales del INTA (Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, www.inta.gov.ar) en el NOA para averiguar si existen programas de investigación y desarrollo para esas especies. Otro ejemplo interesante es el de la papa andina en Perú, que puede consultarse en el siguiente link: <http://inrm.cip.cgiar.org/home/sp3spa02.htm>

Preguntas guía para la investigación:

1. ¿A qué se denomina germoplasma?
2. ¿Qué es un “banco de germoplasma”?
3. ¿De qué forma se conservan los recursos genéticos de especies vegetales? (para responder esta pregunta puede también consultarse El Cuaderno N° 35, sobre técnicas de cultivo *in vitro* para la conservación de germoplasma)
4. ¿Cuál es la importancia de estos bancos genéticos?
5. ¿Cuál es la utilidad de conservar los recursos genéticos?
6. ¿A qué se denomina conservación *in situ* y conservación *ex situ*?
7. ¿Cómo contribuye la biotecnología en la conservación de los recursos genéticos?

"El Cuaderno de Por Qué Biotecnología" es una herramienta didáctica creada y desarrollada por el equipo pedagógico del Programa Educativo Por Qué Biotecnología. Su reproducción está autorizada bajo la condición de que se aclare la autoría y propiedad de este recurso pedagógico por parte del Programa Educativo Por Qué Biotecnología.



Nota: Los Bancos de Germoplasma son infraestructuras que permiten conservar la diversidad genética (en forma de semillas o en estado vegetativo) durante largos períodos de tiempo. El INTA cuenta con una Red de Bancos del Programa de Recursos Genéticos, constituido por un Banco Base (Castelar) y 9 Bancos Activos para semillas convencionales, responsables de diferentes especies según el área agroecológica donde están ubicados, un Banco de cultivo *in vitro* y colecciones de campo. La biotecnología puede contribuir a la conservación, caracterización y utilización de la biodiversidad, aumentando así su utilidad. Algunas técnicas, como el cultivo *in vitro*, son muy útiles para el mantenimiento de las colecciones de germoplasma *ex situ* de especies vegetales difíciles de mantener en forma de semillas o en bancos de germoplasma de campo.

Actividad 3. Análisis de caso

Un pequeño productor local decide llevar adelante un proyecto de producción y comercialización de hongos comestibles. Para ello realiza previamente un curso teórico-práctico donde adquiere las herramientas necesarias para el cuidado de los cultivos de los hongos y le entregan también un primer grupo de hongos para utilizar como “iniciador” de su cultivo. Al pasar los días el principiante nota que el hongo no tiene el mismo aspecto que el que usaban en clase, que, en teoría, es el que le habían dado. Ante la duda, se contacta con los docentes, quienes le dicen que es normal que por el “estrés” que sufrió el hongo al trasladarlo y por los cambios de temperatura y humedad del entorno, no conserve las mismas características que en la escuelita. Pero el productor sigue teniendo sus sospechas.

- i) ¿Qué se podría hacer ante esta duda (teniendo en cuenta los riesgos de toxicidad de hongos no comestibles)? **Rta:** contactarse con un laboratorio de marcadores moleculares para que realicen un análisis de identidad con una muestra de los hongos de la clase.
- ii) ¿Qué tipo de marcadores serían más apropiados? **Rta:** los basados en ADN, porque en distinto estado fisiológico, los organismos tienen distintos componentes en distintas concentraciones, y por lo tanto un análisis de proteínas o de metabolitos secundarios podría resultar desorientador.
- iii) Basándose en los marcadores de ADN: ¿qué técnicas sería recomendable utilizar? **Rta.:** si no se conoce nada de la especie en cuestión, entonces lo más aconsejable es RAPD o AFLP, en cambio si existen secuencias satélites ya desarrolladas, entonces un análisis de las mismas podría ser de utilidad.

Actividad 4. Banco de huellas genéticas. Debate.

Se propone analizar las siguientes afirmaciones, una en contra y otra a favor, referidas al posible desarrollo de bases de datos masivos de “huellas genéticas” en vez de huellas dactilares.

"El Cuaderno de Por Qué Biotecnología" es una herramienta didáctica creada y desarrollada por el equipo pedagógico del Programa Educativo Por Qué Biotecnología. Su reproducción está autorizada bajo la condición de que se aclare la autoría y propiedad de este recurso pedagógico por parte del Programa Educativo Por Qué Biotecnología.



Sería interesante formar dos grupos y que cada uno sustente su postura con argumentos científicos-sociales relevantes.

Nota: Existen diferentes fuentes de argumentación a favor y en contra, basados en casos reales como en la ciencia-ficción. Una de las películas de ciencia-ficción que aborda estos temas es "GATTACA" (dirigida por Andrew Niccol y con la actuación de Ethan Hawke y Uma Thurman, entre otros). Antes de verla, es conveniente haber trabajado los temas de estructura del ADN, Proyecto Genoma Humano, selección natural vs selección artificial. Entre los casos reales, se pueden citar los casos de filiación relacionados con las desapariciones durante la última dictadura militar en Argentina. También se puede investigar casos similares en otros países, conocer su situación y los argumentos esgrimidos en torno al tema (por ejemplo, el debate en el Reino Unido acerca del Banco de datos de huellas genéticas cuyo objetivo es ofrecer una solución rápida ante un crimen).

Posturas para el debate:

a) *"Las "Huellas genéticas" podrían ser utilizadas como herramienta de discriminación, especialmente en lo que respecta a los marcadores moleculares asociados a enfermedades."* (Nota: se refiere al hecho de que el ADN puede identificar genes que predisponen para (o marcadores que se correlacionan con) ciertas enfermedades, lo que no daría certeza de padecerla, pero podría ser causal de rechazo laboral).

b) *"La mayor posibilidad que ofrecen es la resolución de crímenes, especialmente cuando se cuenta con un perfil de ADN dejado como evidencia en la escena del crimen y éste no coincide con ninguno de los sospechosos, o para identificación de cadáveres en casos de tumbas masivas, como en las dictaduras militares"*

Material de consulta

- "Una tumba para los Romanov. Y otras historias con ADN", Raúl A. Alzogaray. Colección "Ciencia que ladra...", Editorial Siglo XXI, 2004, Argentina. Material de divulgación científica, incluye casos resueltos por evidencias con ADN.
- "Linajes, familias y crímenes reinterpretados a la luz del ADN" por el Dr. Daniel Corach, Director del Servicio de Huellas Genéticas de la Facultad de Farmacia y Bioquímica de la Universidad de Buenos Aires, en "ADN. 50 años no es nada" Comps. Alberto Díaz y Diego Golombek. Edit. Siglo XXI, 2004, Argentina.
- Biotecnología y Mejoramiento Vegetal. Parte II: Capítulo 4: Marcadores Moleculares. Aurora Picca, Marcelo Helguera, Nelly Salomón y Alicia Carrera. Capítulo 5: Citogenética. Lidia Poggio y Carlos Naranjo.. Editores: V. Echenique, C. Rubinstein y L. Mroginski. Ediciones INTA – 2004.
<http://www.argenbio.org/h/biblioteca/libro.php>

"El Cuaderno de Por Qué Biotecnología" es una herramienta didáctica creada y desarrollada por el equipo pedagógico del Programa Educativo Por Qué Biotecnología. Su reproducción está autorizada bajo la condición de que se aclare la autoría y propiedad de este recurso pedagógico por parte del Programa Educativo Por Qué Biotecnología.



El Cuaderno de Por Qué Biotecnología

EDICIÓN N° 69 – 2005

- <http://www.encuentros.uma.es> ENCUENTROS EN LA BIOLOGÍA. Boletín electrónico editado por la Universidad de Málaga. Marcadores Moleculares
<http://www.encuentros.uma.es/encuentros49/marcadores.html>
- FAO - Organización para la Agricultura y la Alimentación – Organización de las Naciones Unidas . *EL ESTADO MUNDIAL DE LA AGRICULTURA Y LA ALIMENTACIÓN 2003-04 LA BIOTECNOLOGÍA AGRÍCOLA: ¿una respuesta a las necesidades de los pobres?* Incluye un capítulo introductorio sobre las aplicaciones de los marcadores moleculares en la agricultura,
http://www.fao.org/documents/show_cdr.asp?url_file=/docrep/006/Y5160S/y5160s07.htm

"El Cuaderno de Por Qué Biotecnología" es una herramienta didáctica creada y desarrollada por el equipo pedagógico del Programa Educativo Por Qué Biotecnología. Su reproducción está autorizada bajo la condición de que se aclare la autoría y propiedad de este recurso pedagógico por parte del Programa Educativo Por Qué Biotecnología.