

# De sus orígenes a las patentes de genes humanos

POR JUAN RAMÓN LACADENA

Genéticamente, la vida es un proceso de flujo de información. El proyecto del Genoma Humano plantea por ello nuevos problemas derivados de su conocimiento progresivo: cuestiones éticas, técnicas, legales

## 1. LA BASE MOLECULAR DE LA HERENCIA

Desde el punto de vista genético, la esencia del fenómeno vital no es más que un proceso de flujo de información que se puede resumir en lo que el premio Nobel, Francis H.C. Crick, denominó Dogma Central de la Biología Molecular: la información genética está contenida en el ADN (ácido desoxirribonucleico) que tiene la propiedad de copiarse a sí mismo (replicación) para su conservación; dicha información es transcrita (transcripción) a otra molécula de ácido ribonucleico (el ARN mensajero) para ser después traducida (traducción) a proteínas.

En otras palabras, la transcripción significa la síntesis enzimática de una molécula monocatenaria de ARN complementaria de la hélice codificadora del segmento de ADN bicatenario que es el gen, mientras que la traducción es la síntesis de un polipéptido (proteína) cuya secuencia lineal de aminoácidos viene condicionada por la secuencia de bases en el ARN mensajero, que se leen de tres en tres en forma de tripletes o codones sucesivos gracias a la existencia de una clave o código genético, que relaciona codones con aminoácidos. Resumiendo, la secuencia lineal de bases nitrogenadas (adenina, timina, guanina y citosina) del ADN que constituyen el gen, determina la secuencia lineal (estructura primaria) de la proteína para la que codifica y, por tanto, su especificidad funcional.

Establecido el dogma central de la biología molecular adquiere todo su significado el razonamiento analógico reduccionista que George Gamov hizo en 1954. El astrofísico Gamov - que fue uno de los pioneros en el planteamiento formal del significado biológico del código genético: cómo pasar de un lenguaje de cuatro letras (las cuatro bases nitrogenadas A, G, T y C) a otro de veinte (los veinte aminoácidos esenciales que componen las proteínas)- propuso que las propiedades hereditarias de cualquier organismo podían ser caracterizadas por un largo número (la secuencia de bases en el ADN) escrito en un sistema de cuatro dígitos, las cuatro bases nitrogenadas.

Desde el punto de vista evolutivo, es importante mencionar aquí que el material hereditario de

los organismos más primitivos, que existieron hace unos tres mil o cuatro mil millones de años y los más evolucionados que existen en la actualidad (por ejemplo, la propia especie humana) es, exactamente, el mismo tipo de molécula química: el ADN; lo único que diferencia al de unos y otros es la cantidad y calidad de la información genética que contienen. Por ejemplo, el ADN de un virus bacteriófago tiene unas 150.000 pares de bases (pb) y el de una bacteria como *Escherichia coli* unos tres millones de pb, mientras que cada célula somática humana tiene dos juegos de 23 cromosomas con una cantidad total de ADN en cada juego de unos tres mil millones de pb. Hablamos de pares de bases en razón de la estructura bicatenaria del ADN.

## 2. EL PROYECTO GENOMA HUMANO

Por genoma en sentido estricto se entiende el conjunto de genes que especifican todos los caracteres potencialmente expresables de un organismo. Esta definición de genoma sensu stricto podría plantear la cuestión de que en los organismos superiores (eucarióticos) es norma general la existencia de una proporción mayor o menor de su ADN, que aparentemente no codifica para gen alguno y cuyo significado genético es en muchos casos desconocido. Por ello, el concepto de genomas sensu lato hace referencia a toda la información genética contenida en el ADN del organismo, considerada en forma de secuencia de bases, independientemente de que corresponda o no a genes que codifiquen para moléculas funcionales.

En la especie humana, la información genética total -el genoma sensu lato- está organizada en dos juegos cromosómicos de 23 cromosomas cada uno. Cada juego cromosómico tiene una cantidad de ADN de 2,8 picogramos (1 pg= 10<sup>-12</sup> g), equivalente a unos tres mil millones de pares de bases. Por otro lado, si se estiraran las 23 moléculas de ADN correspondientes a los diferentes cromosomas y se pusieran una a continuación de otra obtendríamos una longitud total del ADN de unos 85 cm.

El Proyecto Genoma Humano, en sus términos más simples, significa el intento de secuenciar los tres mil millones de pares de bases que componen el genoma sensu lato de la especie humana. Es decir, utilizando el lenguaje analógico de Gamov antes mencionado, equivaldría a poder escribir lo que es genéticamente el ser humano como un larguísimo número de tres mil millones de cifras con cuatro dígitos: las cuatro bases nitrogenadas del ADN.

Los orígenes del Proyecto Genoma Humano se remontan a 1984, cuando el Departamento de Energía (DE) de los Estados Unidos se planteó la necesidad de disponer de técnicas adecuadas para estudiar los efectos genéticos de las radiaciones de bajo nivel. Por otro lado, en los dos años siguientes se produjeron ya declaraciones públicas e iniciativas a favor de la conveniencia de llevar a cabo la secuenciación del genoma humano.

Todas estas primeras iniciativas fructificaron poco después, de forma que en el Congreso sobre Molecular Biology of *Homo sapiens*, que tuvo lugar en Cold Spring Harbor, Nueva York, del 20 de mayo al 4 de junio de 1986, se dedicó una sesión al incipiente Proyecto Genoma Humano. Especialmente, se discutió la conveniencia de que el proyecto fuera liderado por el Departamento de Energía (el inconveniente aducido fue que está dirigido principalmente por físicos) o por los Institutos Nacionales de la Salud (NIH) más familiarizados con la problemática biomédica. De hecho, en 1988 los NIH crearon la Office of Human Genome Research que sólo

tenía atribuciones consultivas y administrativas, pero que fue transformada en 1989 en el National Center for Human Genome Research, contando con recursos propios para la investigación bajo la dirección del premio Nobel James D. Watson.

Como consecuencia inmediata del congreso de Cold Spring Harbor, se convocó una reunión bajo el título Informational Forum on the Human Genome, organizada por el Howard Hughes Medical Institute, que tuvo lugar el 23 de Julio siguiente en la sede de los NIH en Bethesda, Maryland. En ambas reuniones se discutió la conveniencia de intensificar los esfuerzos humanos y económicos para completar la secuenciación total del genoma humano en pocos años. A partir de ese momento podría decirse que la controversia estaba servida, produciéndose posturas enfrentadas: desde los que se mostraron reticentes ante el valor científico real que se pudiera derivar del proyecto hasta los que lo consideraban fundamental, llegando casi a sacralizarlo; así, el premio Nobel Walter Gilbert llegó a decir que «la secuenciación total del ADN humano es el grial de la genética humana».

Como escribía Watson en 1990, los Estados Unidos han establecido como un objetivo nacional la construcción del mapa genético y secuenciación del genoma humanos. El orgullo nacional está en juego: del mismo modo que en 1961 el presidente Kennedy tomó la decisión de enviar un hombre a la Luna, ahora la nación se ha comprometido a sí misma en un objetivo altamente visible e importante, añadiendo que, aunque el costo global de la secuenciación total del ADN humano será inferior en un orden de magnitud al de enviar al hombre a la Luna, las repercusiones serán mucho más grandes.

La posible decisión de abordar la realización del proyecto debía considerar dos problemas previos, uno técnico y otro económico. Desde el punto de vista técnico habría que tener en cuenta que las técnicas de secuenciación disponibles son lentas: un experto de alto nivel trabajando en un laboratorio cualificado puede secuenciar hasta 1000 bases-día, lo cual significa que sería necesario el trabajo de 10.000 hombres-año. Por otro lado, desde el punto de vista económico, el precio medio es de uno a tres dólares por base secuenciada, lo que equivale a estimar un costo total mínimo del proyecto de tres mil millones de dólares. No obstante, inmediatamente empezaron a surgir soluciones: se han comenzado a diseñar máquinas de secuenciación automática que tienen ya un rendimiento de 340.000 bases-día (en el California Institute of Technology), mientras que un grupo japonés (¡cómo no!) que dirige el profesor Wada pretendía inicialmente llegar a un rendimiento de un millón de bases-día, reduciendo además el costo a unos veinte centavos de dólar por base secuenciada. Posteriormente, no obstante, rebajaron sustancialmente el objetivo inicial marcado.

Tras dos años de reuniones y discusiones, puede decirse que el Proyecto Genoma Humano tomó ya carta de naturaleza en la comunidad científica internacional, concretándose principalmente en tres grandes grupos de trabajo: Estados Unidos, Japón y la Comunidad Europea.

En los Estados Unidos el proyecto encontró inicialmente ciertos obstáculos por parte de la propia comunidad científica (por ejemplo, la Academia de Ciencias) porque no se veía mucho sentido a la secuenciación del ADN humano de un extremo a otro sin más ni más. Sin embargo, al final el proyecto original se modificó, ampliándolo a otras especies clásicas en estudios genéticos. Así pues, el proyecto aprobado por las autoridades científicas (Academia

de Ciencias y los NIH) y el Gobierno, refrendado por el Congreso de la Nación, no es ya sólo un proyecto sobre el genoma humano sino un proyecto más amplio sobre Organización del genoma de organismos complejos, incluyendo como especies piloto la bacteria *Escherichia coli*, la levadura *Saccharomyces cerevisiae*, el nematodo *Caenorhabditis elegans*, la mosca de la fruta *Drosophila*, el ratón y el hombre.

En otoño de 1988, las dos instituciones (DE y NIH) acordaban crear un subcomité encargado de elaborar para la primavera de 1990 el Plan Nacional del Genoma, que había sido solicitado por el Congreso de los Estados Unidos con vistas a su incorporación en los presupuestos generales de la nación de 1991. El proyecto en cuestión abarca un período de cinco años en los que se contempla la construcción de mapas genéticos de ligamiento, mapas físicos (de restricción) y el desarrollo de la tecnología (especialmente la automatización) de secuenciación del ADN. También considera el abordar problemas informáticos, éticos, de formación de personal cualificado, de transferencia de tecnologías y de cooperación nacional e internacional.

La financiación para el proyecto en 1990 fue de 28 y de 60 millones de dólares por parte del DE y de los NIH, respectivamente. En 1992 se prevé gastar 160 millones de dólares; no obstante, se tiene previsto llegar hasta los 300 millones de dólares-año hasta la terminación del proyecto. El Proyecto Genoma Humano del Japón es uno de los tres prioritarios junto con el del cáncer y el del SIDA, dependiendo institucionalmente del Ministerio de Educación y del Ministerio de Sanidad en lo que se refiere a las enfermedades hereditarias. En principio, a diferencia del proyecto USA, no incluye estudios comparativos con los genomas de otros organismos piloto. Dentro del proyecto japonés cabe destacar la línea de investigación sobre tecnología de ácidos nucleicos que dirige el profesor Wada al que antes hice referencia.

En la Comunidad Europea, al principio la investigación no se abordó como un Proyecto Genoma Humano al estilo de los Estados Unidos y Japón, sino que sólo existía un Programa Europeo de Medicina Predictiva enfocado hacia la construcción de mapas genéticos humanos, basados en el análisis genético familiar y el polimorfismo de los fragmentos de restricción(RFLP). Posteriormente, se aprobó un nuevo Programa de Análisis del Genoma Humano para desarrollar durante el período 1990-1992 con un presupuesto de 15 millones de euros. En dicho programa se trata de mejorar el mapa genético humano y de establecer una biblioteca ordenada de ADN humano (cartografía de secuencias con extremos superpuestos: contigs), así como el desarrollo de nuevos y mejores métodos para el estudio del genoma humano, incluyendo nuevos métodos de tratamiento de datos (software).

Por otro lado, dada la envergadura del Proyecto Genoma Humano es obvia la necesidad de una coordinación y cooperación internacionales. Ello llevó a crear en 1998 una organización conocida como HUGO (Human Genome Organization) que estuvo presidida inicialmente por el americano Victor A. McKusik (un clásico en los estudios de Genética Humana) y en la actualidad por el británico Sir Walter Bodmer. La comisión científica de HUGO está constituida por 42 miembros de varias nacionalidades e incluye a varios premios Nobel (Dausset, Dulbecco, Gilbert, Jacob y Watson).

El futuro del proyecto está, sin duda alguna, en su importancia. Como decía Watson (1990): «nunca se encontrará un conjunto de libros de instrucción más importante. Cuando sean finalmente interpretados, los mensajes genéticos codificados dentro de nuestro ADN nos

proporcionarán las últimas respuestas a los cimientos químicos de la existencia humana. No solamente nos ayudarán a comprender cómo funcionamos como seres humano sanos, sino que también nos explicarán, químicamente, el papel de los factores genéticos en una multitud de enfermedades -como el cáncer, la enfermedad de Alzheimer y la esquizofrenia- que disminuyen la vida individual de millones de personas».

Sin embargo, como mencionaba en un lugar anterior, nada más ponerse en marcha la idea de llevar a cabo el Proyecto Genoma Humano se levantó una fuerte controversia sobre su interés científico. Junto a defensores del mismo como los premios Nobel Gilbert o Dulbecco (por citar algún nombre concreto) otros muchos investigadores dudan de su valor científico argumentando que, dada la elevada proporción de ADN repetitivo que tiene el genoma humano, su secuenciación total podría asemejarse a un tupido bosque en el que los propios árboles impiden ver el bosque. Por otro lado, dada la enorme variabilidad genética -sobre todo a nivel molecular- de la especie humana, al hablar de la secuencia del genoma humano habría que preguntarse si los datos obtenidos de muestras de muchos individuos diferentes no podrían introducir errores en la interpretación de los resultados.

Así como una buena parte de los científicos desaprueban la idea inicial de secuenciar el genoma humano de un extremo a otro, sin embargo nadie duda de la utilidad de ir secuenciando genes concretos, especialmente aquellos responsables de enfermedades importantes, puesto que el conocimiento de la estructura molecular de tales genes puede contribuir a la comprensión de la patología molecular de las enfermedades con vistas a una posible curación, tal como se refería Watson.

Por otro lado, el tratar de encontrar genes concretos mediante la secuenciación total del genoma es lo mismo que buscar una aguja en un pajar, puesto que la probabilidad de encontrar un gen de tamaño medio (de 1000 a 3000 pb) entre una longitud total de 3.000 millones pb es del orden de uno en un millón. Sin embargo, si se utilizan otras especies biológicas cuyo conocimiento genético es mayor y su organización genómica más simple -como son las especies piloto incluidas en el proyecto USA- es más fácil aislar genes concretos de funciones fisiológicas celulares importantes y, utilizándolos como sondas radiactivas, se pueden localizar en el ADN humano los genes homólogos que, una vez aislados, pueden ser ya secuenciados y analizados.

Como veremos más adelante al tratar la patentabilidad de los genes humanos, las aplicaciones prácticas que se derivan del aislamiento y conocimiento molecular de un gen, se pueden basar en la utilización de la metodología de la Genética inversa para identificar la proteína que tal gen codifica y su lugar de acción en el organismo. Otra fuente importante de conocimiento, que se puede derivar de la secuenciación del genoma es la de llegar a identificar la estructura de los elementos reguladores de los genes eucarióticos hasta ahora poco conocidos.

Desde el punto de vista social, no cabe duda que, además del indudable interés científico del proyecto, el gran revuelo internacional que se ha producido para su realización está motivado por razones socioeconómicas (y, quizá, políticas) que no siempre es fácil de precisar.

Entre ellas, a mi juicio, cabe mencionar la presión ejercida por la industria de los ordenadores,

ya que la envergadura del proyecto implica necesariamente el desarrollo tanto del software como del hardware. También habría que mencionar los indudables avances que se habrán de producir en el automatismo de la tecnología molecular a los que ya he hecho referencia anteriormente. También, sin duda alguna, detrás de todo ello está presente la proliferación y florecimiento de compañías multinacionales, que están invirtiendo grandes sumas de dinero en la creación de laboratorios de investigación y plantas industriales destinados a la biotecnología.

Cuando se inició el Proyecto Genoma Humano se habían secuenciado unos doce millones de pares de bases. A principios del año 1992 los centros de investigación norteamericanos ya habían llegado a los setenta millones de pares de bases, esperándose alcanzar un ritmo de progreso en la investigación tal que duplicará cada dos años las secuencias conocidas. Se estima que la secuenciación casi total del genoma humano estará prácticamente terminada para el año 2005.

- Respeto por la diversidad genética humana en contra de cualquier actividad eugenésica.
- La información genética debe ser utilizada en favor de la dignidad del individuo.
- Todas las personas que lo necesiten deben tener acceso a los servicios genéticos de diagnóstico y prognosis.
- Los programas genéticos deben ser aplicados bajo los principios de autonomía, beneficencia y justicia.
- El conocimiento del mapa genético y la secuenciación del genoma humano repercutirá en beneficio de la salud y bienestar humanos.
- Necesidad de coordinar la investigación y compartir la información a nivel internacional.
- Ante el temor suscitado del uso y abuso del nuevo conocimiento genético se recomienda con urgencia promover debates públicos sobre las consecuencias éticas, sociales y legales de la utilización clínica, comercial y de todo tipo de la información genética.
- Necesidad de educar a la población (medios de comunicación social, escuelas, etc.) sobre el Proyecto Genoma Humano (construcción de mapas genéticos y secuenciación), las enfermedades genéticas y los servicios genéticos.
- Ante las nuevas posibilidades de pronóstico clínico e información terapéutica que se derivarán del desarrollo del Proyecto Genoma Humano, resulta urgente la formación de asesores genéticos, así como la educación genética de otros profesionales de la sanidad.
- Debe ser tenido como un principio general que la información genética sobre un individuo sólo puede ser dada a conocer con autorización del mismo o de sus representantes legales; cualquier excepción a este principio debe estar fuertemente justificada por razones éticas y legales.

Conocida la secuencia de los genes humanos se puede diagnosticar por análisis molecular si una persona es portadora de genes causantes de ciertas enfermedades. Sin embargo, este avance científico se ve contrarrestado con el hecho de que tal conocimiento sólo contribuirá a la angustia de las personas afectadas a menos que se desarrollen y tengan acceso a las terapias adecuadas. Por esta razón -decía el premio Nobel James D. Watson- «es imperativo que empecemos a educar a la gente sobre las opciones genéticas entre las que ellos como individuos pueden elegir». Está claro que este hecho, que tiene que ver tanto con una paternidad responsable como con una paternidad irresponsable, puede plantear problemas éticos adicionales muy serios. El asesoramiento genético presenta las siguientes cuestiones éticas:

- Es bueno querer conocer las características genéticas propias para prevenir daños a uno mismo y a su descendencia.
- Igualdad de oportunidades de acceso a los Servicios Genéticos.
- Elección reproductiva (llevar a término el embarazo o abortar) Confidencialidad (se debe comunicar a los parientes que pueden verse afectados si el interesado se niega).
- Protección de la privacidad frente a terceros (contratación laboral y seguros de vida).
- Revelación de los datos genéticos (a quién y cómo).
- Asesoramiento no directivo (excepto personas incapacitadas).

Un último aspecto ético que quiero comentar en relación con el Proyecto Genoma Humano es el de la patentabilidad de los genes humanos que, por su importancia y actualidad, paso a describir en el apartado siguiente.

#### 4. PATENTES DE GENES HUMANOS

Hasta hace poco tiempo, parecía haber un consenso muy mayoritario en la comunidad científica sobre la no patentabilidad de los genes humanos bajo la argumentación de que son patrimonio de la naturaleza humana. Desde hace mucho tiempo se vienen patentando las variedades de plantas obtenidas por los mejoradores y nadie puso nunca reparo ético alguno; sin embargo, cuando se patentaron organismos vivos (bacterias, ratones) obtenidos por manipulación genética se produjo cierta controversia ético-científica. Ahora que se plantea la posibilidad de patentar genes humanos la mayoría de la comunidad científica se rasga las vestiduras.

El 20 de junio de 1991, el doctor Craig Venter, de los Institutos Nacionales de la Salud, Bethesda, presentaba en la Oficina de Patentes de los Estados Unidos la solicitud para patentar 337 nuevos genes humanos. La técnica utilizada por Venter y sus colaboradores es muy sencilla: Únicamente secuencian el ADN correspondiente a genes que se expresan en determinadas células humanas (ellos trabajan con células de cerebro). Para ello sintetizan mediante la enzima transcriptasa inversa los ADN copia (ADNc) a partir de los ARN mensajeros (ARNm) aislados de dichas células humanas. Puesto que los ARNm son el producto de la expresión (transcripción) de genes funcionales, ello significa que cada molécula de ADNc diferente que se obtiene corresponde forzosamente a un gen funcional distinto. Una vez obtenido el ADNc se secuencian parcialmente (sólo un fragmento del ADN total por simple razón de eficacia y rapidez) mediante procedimientos automatizados, habiéndose estimado que en el laboratorio de Venter se pueden secuenciar unos 75.000 pares de bases de ADNc por día correspondientes a unos 100 genes. Como era de prever, el grupo de Venter siguió trabajando y en febrero de 1992 publicaba la identificación de la secuencia parcial (lo que ellos llaman etiquetas de secuencias expresadas) de 2.375 nuevos genes que se expresan en células del cerebro humano y cuya patente también ha sido solicitada. Como era de esperar la controversia científico-ético-legal ha estallado. En primer lugar, hay que tener en cuenta que para que una invención biotecnológica pueda ser patentada ha de cumplir los tres criterios básicos siguientes: debe ser novedosa, debe no ser obvia y debe tener alguna utilidad. Aunque Venter no ha inventado ni el concepto (secuenciar el ADNc) ni la tecnología automatizada y, además, su aplicación es obvia, sin embargo su acierto está en la aplicación de la secuenciación a gran escala combinada con la búsqueda electrónica de tales secuencias

en bases de datos de ADN, lo cual le permite generar nuevos genes humanos a una velocidad sin precedentes, Pero el obstáculo más serio con que se puede encontrar Venter en su solicitud de patentar tales genes humanos hasta ahora desconocidos es que, al menos de momento, no se sabe para qué sirven los nuevos genes identificados y por tanto no se cumpliría el tercer requisito de cualquier patente: tener alguna utilidad concreta.

Ante la nueva situación se están produciendo múltiples reacciones; por ejemplo, el grupo que trabaja en Francia en el Proyecto Genoma Humano utilizando solamente la secuenciación del ADNc (la misma idea conceptual en que se ha basado Venter) ha amenazado con patentar sus propios resultados, mientras que otros centros o instituciones de investigación, como el Medical Research Council de Gran Bretaña, tenían planeado dar acceso libre a su banco de datos a los científicos académicos (universidades y centros estatales de investigación) pero exigir una tasa de suscripción a los centros de investigación privados. Por su parte, Sir Walter Bodmer, director del Imperial Cancer Research Fund de Gran Bretaña y presidente de la Human Genome Organization (HUGO), ha declarado «estar fuertemente a favor de patentar genes humanos». Sin embargo, el premio Nobel James D. Watson disconforme con la idea de secuenciar y patentar el ADN dimitió como Director del Proyecto Genoma Humano de los Estados Unidos.

¿Por qué interesa patentar genes humanos?. Evidentemente por razones económicas: Los investigadores o instituciones que patenten la secuencia total o parcial de un gen determinado (que al fin y al cabo, no es más que un fragmento de ADN) serán acreedores de los derechos que se deriven de tal conocimiento para la obtención de fármacos mediante el proceso denominado de Genética inversa; es decir, el conocimiento de la secuencia total (o parcial) de un gen permite inferir la proteína (o una parte de ella) para la que codifica y, mediante anticuerpos monoclonales e inmunofluorescencia, determinar el lugar del organismo donde tal proteína actúa, permitiendo así contrarrestar o suplir su efecto con el fármaco adecuado.

Pocos meses antes de que se produjera el anuncio público de la solicitud de patentar genes humanos realizada por Venter, escribía yo un artículo en el que mostraba mi escepticismo sobre la no patentabilidad que defendía la mayoría de la comunidad científica, argumentando que había ya múltiples pruebas de que el hecho científico va por delante de las normas éticas y legales y, en este caso, las razones económicas eran lo suficientemente poderosas para prever lo que acabaría sucediendo.

¿Qué valoración puede hacerse desde el punto de vista ético? ¿Realmente atenta a la dignidad humana o a la inviolabilidad del patrimonio genético de la humanidad -como algunos autores dicen- el hecho de patentar la secuencia de bases de un gen humano? Yo me atrevería a decir que no; otra cuestión sería querer patentar a un ser humano completo como se han patentado ratones. Patentar un gen humano puede no significar más, en definitiva, que patentar un procedimiento de obtención de ciertos fármacos. El peligro podría estar en el abuso de poder económico que pueda llegar a tener una institución oficial o una empresa multinacional de ingeniería genética, que acumulara las patentes de muchos miles de genes humanos. Sin embargo, esta situación no significaría, ni mucho menos, que alguien pudiera decir a una persona: usted me pertenece porque yo le he patentado.

El presente artículo está basado mayoritariamente en los trabajos previos del autor que se indican a continuación:

Lacadena, J.R. «El Proyecto Genoma Humano: Pasado, presente y futuro». Veintiuno (Revista



de pensamiento y cultura), Madrid, núm. 8: , 1991, 15-26.

Lacadena, J.R. «Gen-ética: A nuevos avances científicos, nuevos problemas éticos». En La fe cristiana ante los retos culturales de un nuevo siglo, PUb 1. Univ. Pontificia Comillas. Madrid, 1992, (en prensa).

