

8° proa® DOMINGO 18 DE JULIO

Avances

La ciencia está en deuda

Hace diez años, salió el primer borrador del genoma humano. El llamado “libro de la vida” ha permitido enormes avances en el conocimiento de la biología humana. Sin embargo, otros objetivos científicos no se han alcanzado con la rapidez que todo el mundo esperaba.

Ángela Avalos R. aavalos@nacion.com

ABELARDO FONSECA / LA NACION



lunes 26 de junio del 2000. En la Casa Blanca, en Washington, el presidente Bill Clinton saludó a la prensa con un jolgorio pocas veces visto.

Vía satélite, su homólogo británico, Tony Blair, también se alistaba para acompañarlo desde la capital del Reino Unido a realizar un anuncio que el mundo entero esperaba desde hacía meses.

"Hoy, estamos aprendiendo el idioma con el que Dios creó la vida. (La secuenciación del genoma humano) revolucionará el diagnóstico, prevención y tratamiento de la mayoría, si no de todas, las enfermedades humanas", dijo Clinton.

Sin lugar a dudas, la suya resultó ser una afirmación ambiciosa al tratarse, nadamás y nada menos, que de la presentación oficial del primer borrador del mapa de la vida.

En una etapa tan germinal, resultaba arriesgado calificar -como lo hizo Clinton- la magnitud de los avances que podrían resultar de la lectura de toda la información genética humana.

Bill Clinton lo anunció en ese entonces como la gran panacea. Algo así como la pomada canaria para todos los males humanos, presentes y futuros.

Diez años después, científicos costarricenses y de otras partes del mundo coinciden en decir que la expectativa generada fue más grande que la capacidad real de la ciencia para cumplirla.

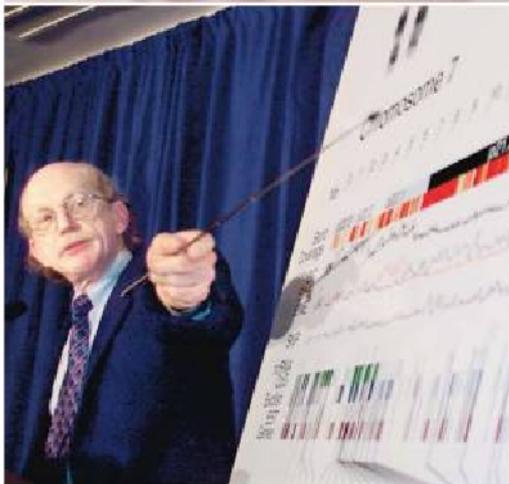
Aunque desde ese 26 de junio del 2000 se han dado numerosos avances que han facilitado la investigación y el desarrollo de tratamientos, y se ha ampliado el conocimiento de la biología humana en magnitudes nunca antes vistas, lo cierto es que la ciencia aún debe uno de sus principales compromisos.

La mayor deuda con la población mundial sigue siendo la aplicación clínica directa en los enfermos que ansían una cura definitiva para sus enfermedades.

Todo parece indicar que la transición del conocimiento del genoma hacia la utilidad directa en el paciente, ha marchado mucho más lento de lo esperado.

Pasarán bastantes años -hoy,

LA MICROBIÓLOGA Mildred Jiménez, jefa de la División de Genética Molecular, en el Hospital Nacional de Niños, trabaja montando una prueba de ADN.



ABELARDO FONSECA Y ARCHIVO / LA NACION

EN EL LABORATORIO de genética del Hospital de Niños se hacen pruebas para detectar enfermedades hereditarias (arriba). **ROBERT WASTERSTON**, de la Universidad de Washington, muestra una ilustración con la secuencia del genoma humano, el cual tiene 30.000 genes. **ABAJO**, Científicos españoles del Centro Mediterráneo de Investigaciones Marítimas y Ambientales que descifraron el genoma de la rata, el tercer mamífero decodificado tras el hombre y el ratón.

La mosca de la fruta

Segundo animal cuyo genoma se descifró

Tan solo tres meses antes de que se hiciera el anuncio mundial que avisaba sobre la secuenciación del genoma humano, la revista *Science* dedicó su portada a informar sobre la lectura del genoma de la mosca de la fruta (*Drosophila melanogaster*), también conocida como mosca del vinagra.

El artículo no dejaba de ocultar la sorpresa de la comunidad científica mundial por las implicaciones que este hallazgo podría tener para ciencias como la Biología y la Medicina. Esta mosca fue el segundo organismo secuenciado, después del gusano *Caenorhabditis elegans*. En ese entonces (marzo del 2000), se dijo que la secuenciación del genoma de *Drosophila* permitiría conocer mucho mejor fenómenos como la división celular, el metabolismo y hasta el



Mr. Chequer/Wikicommons / LA NACION
ESTA mosca reveló en su genoma mucha información.

proceso de envejecimiento. La lectura del genoma estuvo en manos de la compañía Celera Genomics, de Maryland (EE.UU.), que logró, para esa época, leer los aproximadamente 13.600 genes de esta mosca. Este insecto y otros animales son considerados modelos excelentes para estudiar trastornos genéticos en humanos.

nadie se atreve a pronosticar cuántos -antes de que cada persona pueda contar con la tan ansiada medicina personalizada o medicina hecha a su medida, en sus tratamientos médicos.

Hito en investigación

El ácido desoxirribonucleico (ADN) contenido en las células humanas, es el material genético que explica por qué una persona es más susceptible a padecer Alzheimer y diabetes, o más proclive a tener una salud de hierro.

Por algo lo llaman la molécula de la vida, pues tiene la capacidad de asegurar la transmisión de todas las características hereditarias, generación tras generación.

Funciona como un archivo genético en el cual un ser vivo puede encontrar las instrucciones para funcionar a partir de una sola célula.

Desde que el ADN fue descrito por James Watson y Francis Crick, en 1953, los científicos no han cejado en sus esfuerzos por conocerlo en detalle pues sabían que en esa doble hélice se encuentra el secreto de la vida de cualquier organismo.

Por eso, no bastó con saber que el ADN existía en el interior de la célula. Había que ir más allá. Y tal parece que la última década

del siglo XX se convirtió en el momento más indicado para dar ese gran salto.

Fue en 1980 cuando seis países, 16 institutos de investigación y 3.000 científicos se involucraron en lo que entonces se conoció como el Proyecto Genoma Humano, una iniciativa con aporte estatal que, entre otras cosas, se comprometió a garantizar el acceso libre y gratuito a la información generada por el proyecto.

En el fondo, el proyecto quiso acabar con un pulso entre iniciativas públicas y privadas por ver cuál llegaba primero a tan ambi-

La identificación de genes tarda pocas semanas. Hace una década, tardaba tres años

ciosa meta científica.

Así que, cuando Clinton anunció el primer borrador del genoma, la comunidad científica reconoció al unísono su inmenso potencial para la investigación, el diagnóstico y el tratamiento de muchos de los males que afectan a la población humana.

En el 2000, ese primer borrador contenía el 97% del código genético humano. Tres años des-

Un familiar muy cercano

Su ADN es un 96% parecido al del humano

El 31 de agosto del 2005, la revista *Nature* reveló una nueva lectura del genoma: el del chimpancé común (*Pan troglodytes*). Y algo más: entonces se supo que estos primates comparten el 96% de su ADN con los humanos. Sin duda, un familiar muy cercano en la evolución. El primer mapeo de su genoma estuvo a cargo de 67 científicos de centros como el Instituto de Tecnología de Massachusetts, la Universidad de Harvard y la de Washington, e investigadores de países como Israel y Alemania. La muestra de sangre se le tomó a Clint, un chimpancé de 24 años de edad que murió un año antes por problemas del corazón. Según publicó *La Nación* el 1 de septiembre del 2005, Clint se convirtió en el único primate no humano al que se le ha secuenciado su genoma y en el cuarto mamífero después del ser humano, el ratón y la rata. En ese entonces, Francis



ARCHIVO / LA NACIÓN
Al chimpancé Clint se le tomó una muestra de sangre.

Collins, uno de los padres del primer borrador del genoma humano, dijo a los medios: "Es un logro histórico que está destinado a encabezar un gran número de descubrimientos con implicaciones para la salud humana". Uno de los hallazgos más importantes de la secuenciación de este genoma, destaca que ambos primates son más susceptibles a las mutaciones, lo cual les permite cambios evolutivos significativos para la especie.

pués, se completó la secuenciación del genoma en un ciento por ciento, y la información que de allí salió brindó un conjunto básico de indicios sobre cómo evolucionan y funcionan los seres humanos.

Solo que en ese entonces no se sabía que nuestro organismo era más complejo de lo que imaginábamos. Su complejidad aumenta por efecto del ambiente.

Sorpresas

Los científicos saben ahora que el hombre tiene cerca de 30.000 genes (antes, se especulaba que eran alrededor de 100.000); apenas un tercio más que organismos mucho menos complejos como la lombriz intestinal.

En la actualidad, pueden encontrar mucho más rápido que

antes los marcadores de susceptibilidades genéticas a problemas de salud.

Ya no tardan años en encontrar el gen que puede hacer a un hombre o una mujer sucumbir más fácilmente que otra persona a una enfermedad. En un *chip*, hoy se puede leer la estructura completa del genoma de una persona y dar con el o los posibles causantes de su mal.

El biólogo genetista de la sección de Genética y Biotecnología, de la Universidad de Costa Rica (UCR), Alejandro Leal, no duda en que los aportes de la lectura del genoma han permitido avanzar mucho más rápido en el conocimiento del ser humano.

"Conocer la secuencia del genoma es como el principio por que ahora debemos comprender



MARÍO ROMAS / LA NACIÓN
WALTER HERNÁNDEZ, encargado del laboratorio de secuenciación del Centro de Biología Molecular, en la UCR, preparó muestras de ADN para leerlas en un aparato llamado secuenciador.



"La información del genoma humano es útil para entender mejor la enfermedad, hacer diagnósticos presuntivos y tomar decisiones reproductivas o de vida"

Henriette Raventós
Investigadora CIEMC

cómo interactúan los distintos productos génicos para definir una característica en el individuo, en combinación con los factores ambientales. Tenemos una base sólida para hacerlo, pero debemos avanzar", dijo Leal.

El biólogo genetista puso como ejemplo el hallazgo de polimorfismos genéticos relacionados con susceptibilidad a padecer diabetes o accidentes vasculares cerebrales (derrames).

"Pero es complicado interpretar la presencia de estos polimorfismos en un individuo a través de un test, porque va a depender de la presencia de otros elementos genéticos y del ambiente, lo que, finalmente, determinará la aparición o no de estas enfermedades", dijo Leal.

La investigadora del Centro de Investigación en Biología Celular y Molecular (CIEMC), de la UCR, Henriette Raventós, cita como los principales logros de ese hito científico el mejoramiento en la tecnología para leer el ADN

la cual, además, se ha vuelto mucho más barata.

"Hay más supercomputadoras y mejores programas estadísticos. Lo mejor de todo es que la información está allí; es pública", comentó la investigadora refiriéndose a las bases de datos. Raventós se ha dedicado al estudio de trastornos mentales en la población costarricense.

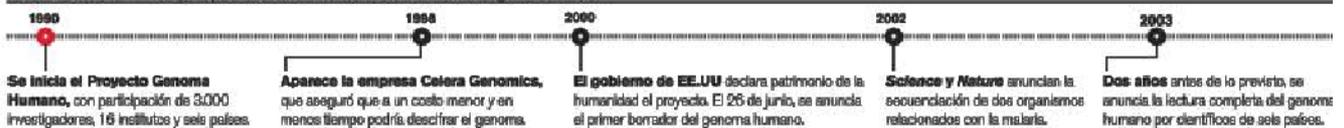
"(El genoma) nos ha ayudado para avanzar nuestro conocimiento a un ritmo que no imaginábamos hace diez años", agregó la especialista.

Raventós puso como ejemplo que, antes de la secuenciación del genoma, los investigadores tardaban hasta tres años en encontrar un gen para una enfermedad. Hoy, se tarda una semana.

La tecnología que ha acompañado este hito científico ha permitido aumentar 50.000 veces la velocidad de lectura del genoma, según publicaciones científicas.

Apenas en marzo pasado, la revista *Science* dio a conocer la

AÑO TRAS AÑO Los principales hitos científicos tras la decodificación del genoma humano



secuenciación del genoma completo de una familia, el cual se suma a la lectura que se ha hecho en insectos y otros organismos vivos, incluido el de James Watson, en el 2007.

La posibilidad de mejorar el consejo genético a parejas o padres de familia, es otra de las ventajas que, a lo largo de esta primera década, ha observado la jefe de la División de Genética Molecular, en el Centro de Prevención de Discapacidades del Hospital Nacional de Niños, Mildred Jiménez Hernández.

"Conocer el riesgo que tiene una persona o un grupo familiar de padecer un problema de salud es muy importante. Nosotros hemos reforzado ese consejo genético a los papás de nuestros pacientes, como parte del abordaje del niño", manifestó Jiménez.

"La información a la cual ahora tenemos acceso es útil porque entendemos mejor la enfermedad, podemos hacer diagnósticos presuntivos y se puede ayudar a las personas a tomar decisiones reproductivas o de vida", agregó Raventós.

La especialista se refiere, por ejemplo, a la posibilidad de una persona a decidir si quiere o no procrear hijos ante la susceptibilidad que pueda tener a padecer enfermedades como cáncer.

Para el científico costarricense Pedro León Azofeifa, en estos primeros diez años de la secuenciación del genoma ha facilitado la búsqueda de genes.

"En Medicina Forense, el avance es real. Hay que tomar en cuenta que esto no solo ayuda a la genómica humana. Permite, por ejemplo, desarrollar bacterias que producen hidrógeno, eficiente en la captación de Co2.

"La Biorqueología también se ha beneficiado. Ya tenemos la secuenciación del genoma del neandertal. Y el hallazgo y la comparación de los genomas también ha permitido ver cuál es la secuencia génica de la corteza cerebral. Ha permitido avances en agricultura, aunque esto no sea genómica humana", recono-



ARCHIVO / LA NACION

SECUENCIAR el mapa genético de esta vaca, llamada Bos Taurus, costó miles de horas de investigación y una inversión de \$93 millones.

ció el científico.

Para León una de las ciencias que más se ha beneficiado con el proyecto del genoma humano ha sido la antropología, pues, entre otras cosas, se ha podido conocer más el fenómeno de las migraciones humanas.

Somos más complejos

Pero el mismo Pedro León reconoce que la maravillosa complejidad del organismo humano nos ganó a todos.

Descifrar el funcionamiento del cuerpo a partir de la lectura de su material genético, resultó más difícil de entender de lo que se creía.

"Nos hizo darnos cuenta de algo que era predecible: que los sistemas biológicos son más complejos y maravillosos de lo que creíamos", aseguró Harriette Raventós.

"Hoy, estamos mucho más cerca de la cima, pero nos hemos

dado cuenta de que está más lejos de lo que pensábamos", comentó Roderic Guigó, investigador del Centro de Regulación Genómica de Barcelona en un especial sobre el tema del diario español *El Mundo*.

"Lo que se hizo hace 10 años con un gran esfuerzo, en cinco, como mucho, va a estar a disposición de todos. La tecnología va a existir para que esto sea posible, pero no creo que vaya a cambiar la forma de concebir las enfermedades ni la de tratarlas porque no entendemos aún qué significa exactamente esta información", vaticinó el científico español.

"El tiempo nos ha dado la razón en el sentido de que las utilidades directas para la práctica médica son limitadas", comentó Harriette Raventós.

Hace una década, esta especialista aplaudió el hito científico, pero analizó con mucha criticidad el discurso lanzado con



WIKIMEDIA / PARA LA NACION

ORGANISMOS como esta mantarraya gigante fueron seleccionados para investigar su genoma.

Los 13 elegidos para leer
Organismos fueron secuenciados primero

Organismos tan variados como el mono titi, diferentes tipos de ratas, mantarrayas e insectos, formaron parte de la lista de los primeros 13 elegidos para la secuenciación por el Instituto de Investigación del Genoma Humano, en el 2005.

Las expectativas estaban cifradas en que la lectura de esos genomas permitiría el desarrollo de nuevos y más eficaces fármacos y conocer mejor el comportamiento de las enfermedades en los humanos.

Según informó el diario español *El Mundo*, en marzo del 2005, el mono titi fue seleccionado por su enorme utilidad en estudios neurobiológicos de la

esclerosis múltiple, Parkinson, la enfermedad de Huntington, y el estudio del comportamiento de las infecciones y la farmacología. Las ratas fueron elegidas para identificar sus 280.000 polimorfismos de nucleótidos simples (conocidos como "SNPs"). Estos polimorfismos se usan como marcadores de riesgo para la presencia de problemas cardíacos, diabetes o cáncer.

Entre los organismos escogidos en el 2005, se incluye una babosa de mar, una avispa parásita, una ameba del aceite, y tres tipos de hongos, todos con una utilidad científica para comprender, a través de su estructura genética, el organismo humano.

A COMER PARRILLADA

PARRILLADA FAMILIAR
< 11.500 i.i.

DOÑA LELA
RESTAURANTE • CANTINA

- San Miguel Santa Domingo Heredia, tel. 2236-9909
- Curridabat, tel. 2271-4676
- Almirante, carretera a Guanacaste, tel. 2639-3716

2004

Se descifra el primer genoma del perro (*Canis familiaris*). En octubre, también trasciende el primer genoma de la vaca.

2005

Una empresa se aventura a construir un mapa para señalar los principales sitios de variabilidad genética comunes en los humanos.

Primero en tener su mapa

James Watson, co-descubridor del ADN

“Sabía que me arriesgaba a un ataque de angustia cuando lo vi”, dijo el Premio Nobel James Watson, al recibir en un pequeño disco su mapa genético descifrado. La entrega se dio en junio del 2007, cuando Watson —descubridor de la molécula de ADN junto a Francis Crick, en 1953— tenía 79 años de edad. Watson se convirtió así en la primera persona en el mundo en obtener una copia de su mapa genético.



ARCHIVO / LA NACIÓN
JAMES Watson, uno de los descubridores del ADN.

El proyecto, que se prolongó por dos meses, tuvo un costo de \$1 millón. Hoy, se calcula que obtener una copia del genoma le podría costar a una persona no más de \$2.000. Por lo menos, así lo anunció *Nature* en abril pasado. La publicación pronosticó que, de aquí a seis años, será posible secuenciar el genoma de una persona en un tiempo récord por solo \$2.000.

Esta oportunidad le abrirá la puerta a la gente para que disponga, en el futuro, de una medicina “personalizada”. En el 2007, Watson se enteró de su susceptibilidad a padecer cáncer. Tras Watson, los medios ventilaron la noticia de que algunas personas, de esas “ricas y famosas”, prestaron una muestra de su sangre para que le lean su mapa genético.

bombos y platillos ante la opinión pública.

Para Raventós, no basta únicamente con encontrar el gen para hallar la cura a una enfermedad mental como, por ejemplo, el trastorno bipolar.

Se requiere más esfuerzo en investigación y desarrollo para poder dar con la molécula que, en el área de la farmacogenética, podría curar a miles de este trastorno de las emociones.

Ese fue, quizá, el gran mito que se esparció por el mundo entero junto al primer borrador del genoma humano.

“¿Qué hacemos a nivel clínico con esta información? Está bien: podemos predecir los riesgos, ¿y qué? En mi campo, que es la investigación, la secuenciación del genoma ha sido un hito, pero la aplicación clínica directa ha marchado lentamente”, asegura la investigadora del CIBMC. Las enfermedades, especial-

mente las complejas, apenas están empezando a entenderse.

“En Costa Rica, se ha progresado en la comprensión de diversas enfermedades en las que el componente genético es muy importante, pero se ha avanzado lentamente en la comprensión de enfermedades complejas o multifactoriales”, agregó el científico Alejandro Leal.

“Cuando se publicó el primer borrador de la secuencia, se dijo que la Medicina se iba a revolucionar muy pronto, que ahora se podrían hacer pronósticos, diagnósticos tempranos, la elección de la terapia efectiva para el individuo y que se podría escoger una dosis específica para el individuo... que se iba a dar seguimiento molecular al tratamiento...”

“No obstante, esto todavía no se puede hacer en la inmensa mayoría de casos. No es que se halla sobredimensionado el hallazgo, sino que la aplicación del conoci-



ARCHIVO / LA NACIÓN
El investigador Mike Stratton, líder del Proyecto del Genoma del Cáncer, del Centro Sanger in Cambridgeshire (Reino Unido). Sus investigaciones se beneficiaron con la lectura del genoma humano.



“Para que el proceso no sea atropellado, tiene que haber un debate muy amplio de la sociedad en el que se evalúe el beneficio para el paciente humano”

Pedro León Azofeifa Científico

miento del genoma va más lenta de lo esperado porque su interpretación es compleja y porque hay otros actores biológicos que no se conocen tan profundamente”, agregó.

“Hemos tropezado con las enfermedades complejas. En principio, deberíamos poder mejorar el tratamiento con medicina personalizada, pero esto llevará su tiempo”, aseguró Pedro León.

Las enfermedades complejas a las que se refieren los especialistas son un grupo de pedecimientos hereditarios.

En ellas, hay un componente familiar que no sigue un patrón mendeliano de herencia; es decir, no transmiten un único gen mediante un patrón dominante, recesivo o ligado al cromosoma X.

Las enfermedades complejas —entre las cuales están la hipertensión arterial esencial, la diabetes, la obesidad y los trastornos mentales—, son, entonces, producto de muchos genes (por eso, se les llama poligénicas), y de factores ambientales.

Es cierto que, por ahora, el beneficio para el paciente se circunscribe, mayoritariamente, en lograr un diagnóstico temprano más preciso.

“Cuando hay un avance en Ciencia y Tecnología, siempre hay una gran expectativa. Uno sueña, pero hay que aplicar esos avances con nuestros recursos y en nuestros pacientes”, afirmó Mildred Jiménez, del Centro de Prevención de Discapacidades, del Hospital Nacional de Niños.

En ese centro, ella y su equipo trabajan detectando casi una treintena de enfermedades hereditarias que podrían poner en riesgo el desarrollo mental y físico de niños y niñas.

“En tratamiento, uno se pregunta qué sigue ahora”, agregó la especialista en microbiología clínica.

El acceso a las bases de datos con la secuenciación del genoma le ha permitido a ese centro médico desarrollar estudios familiares y, sobre todo, fortalecer el funcionamiento del consejo genético.



compartiendo del derecho de las familias y de las personas a conocer su riesgo a desarrollar ciertas patologías.

Futuro ¿Cercano?

El ideal es lograr un nivel de desarrollo tal a partir de esa información que se facilite el desarrollo de fármacos "a la medida" para las personas.

Ese será el siguiente paso, que le corresponderá a la farmacogenética.

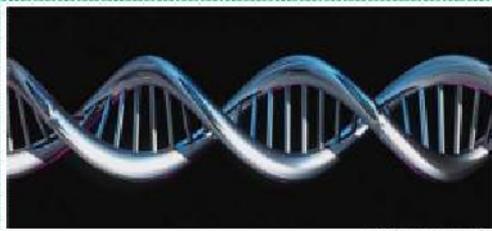
"Hay muchos esfuerzos a nivel de genética, sobre todo en las universidades estatales. Pero aún se debe lograr que la Caja (Costarricense de Seguro Social) de un paso más", aseguró Mildred Jiménez.

Pedro León cree en la capacidad del país para montar, algún día, un centro de genómica humana que trabaje de cerca con la Caja. Significaría ir más allá de la fase de diagnóstico molecular que ya se realiza exitosamente en el país.

La Biomedicina y la Medicina Molecular serán dos de las áreas de la ciencia de las cuales se esperan más avances en el futuro.

"En Costa Rica, tenemos algunas desventajas de tipo presupuestario y burocrático. Hay poca inversión en investigación", considera Alejandro Leal.

"Ocupamos políticas amigables con el desarrollo científico para avanzar más rápido y aprovechar los recursos académicos y



ARCHIVO / LA NACION

IMAGEN de la molécula de ADN generada por computadora.

Claves para entender

Una ojeada a varios conceptos básicos

¿Qué es el ADN? Es una molécula presente en las células. Se le conoce como la molécula de la vida porque contiene la información genética responsable del desarrollo y funcionamiento de los organismos vivos. Esta información se hereda de un individuo a otro.

¿Qué es el genoma humano? Es todo el ADN de un organismo; es decir, el número total de cromosomas del cuerpo. Los cromosomas contienen los genes, responsables de la herencia. Se calcula que el genoma humano tiene entre 20.000 y 30.000 genes.

¿Por qué es importante leer el genoma humano? Porque permite encontrar

marcadores genéticos que pueden hacer a una persona susceptible a sufrir ciertos padecimientos. Entre las aplicaciones prácticas está la fabricación de vacunas y medicinas.

¿En qué se beneficia Costa Rica de estos hallazgos? Institutos de investigación de universidades públicas, desarrollan proyectos que se han visto facilitados gracias a que se tiene acceso gratuito a este mapa de la vida. Los tiempos de investigación se han reducido de años y meses, a unas cuantas semanas, así como los costos de investigación en áreas como la biología molecular.

biológicos que tiene el país en beneficio de la población nacional y de la humanidad", agregó.

Hasta principios de julio, 2.106 enfermedades podían ser secuenciadas genéticamente, según Gentests. 2.106 enfermedades en las cuales los investigadores podían decir que había un factor de riesgo genético para su desarrollo.

En 1993, apenas se podía leer un centenar de patologías, y poco más de 700 en el año en el cual se presentó el borrador del genoma humano.

El número de laboratorios en capacidad de hacer esos análisis también ha crecido. Se pasó de un centenar, en 1998, a 600 a finales del 2009.

Lo anterior, indica que se va caminando en la ruta correcta.

Aunque la utilidad para el paciente aún no se vislumbra con los rasgos de ciencia ficción con la que se anunció hace una década, para los próximos años se espera un mayor desarrollo de las tecnologías.

Lo anterior, ayudará a encontrar más marcadores genéticos de susceptibilidad a enfermedades. A su vez, esto permitirá dilucidar la contribución entre genes y ambiente en la producción de ciertas patologías.

"Es de esperar que veamos cómo cada vez se acerca más el conocimiento a la práctica clínica", pronosticó Raventós.

Será, dijo, un conocimiento

que ayudará a mejorar la calidad (vivir más años y con mejor salud) de vida de las personas.

Claro, habrá un reto ético muy importante el cual, de hecho, se ha planteado desde el momento mismo en que comenzó a circular esta información.

"Es peligroso que el conocimiento del genoma de un individuo llegue a terceros que lo puedan usar mal. Las compañías de seguros podrían discriminar a los individuos por su susceptibilidad a una enfermedad.

"Se ha hablado de armas genéticas para aprovechar y dotar de algunos genes a un grupo particular y hacer susceptible a otro. También, se ha hablado del dopaje genético en deportistas para hacerlos más adaptados y eficientes a un deporte en particular.

"Pero quizá el mayor problema ético de momento sea la utilización del diagnóstico prenatal para eliminar a individuos humanos que no cumplen con los estándares deseados", dijo Alejandro Leal, para quien todo lo anterior plantea un reto nacional e internacional importante de dilucidar en las próximas décadas.

En el futuro, veremos avances espectaculares en el tema de células madre, y seremos testigos

de cómo la genómica se combina con técnicas no invasivas para avanzar en el conocimiento del cerebro humano. Pronto lo sabremos.

Nuevo Hotel Riu Guanacaste

Disfruta de nuestro exclusivo servicio y programa Todo Incluido 24 horas



TODO INCLUIDO 24 HORAS

USD \$ 99

por persona por noche



Variedad de Restaurantes



Sports Bar y 4 Bares



Casino y Discoteca

EL MEJOR TODO INCLUIDO EN PLAYAS DEL MUNDO

MÉXICO • REPÚBLICA DOMINICANA • BAHAMAS • JAMAICA • ARUBA
PANAMÁ • COSTA RICA • MIAMI • BRASIL

(506)2681 2350 - www.riu.com



Déjase consentir

Tarifa válida hasta el 22 de diciembre, 2010. Impuestos y procelas incluidos. Aplican restricciones, Tarifas y disponibilidad sujetas a cambios sin previo aviso. RIU no se hace responsable de errores u omisiones publicados en el contenido de este anuncio.