



**1st. WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO
LIVESTOCK PRODUCTION**

**1er. CONGRES MONDIAL DE GENETIQUE APPLIQUEE
A L'ELEVAGE**

**I CONGRESO MUNDIAL DE GENETICA APLICADA A
LA PRODUCCION GANADERA**

**I. WELTKONGRESS UEBER ANGEWANDTE GENETIK IN
DEN LANDWIRTSCHAFTLICHEN NUTZTIEREN**

Madrid, 7-11. X. 1974

OPENING ADDRESSES

DISCOURS D'OUVERTURE

DISCURSOS DE APERTURA

EROEFFNUNGSREDEN

Session of 7th October, 1974

Séance du 7 Octobre, 1974

Sesión de 7 de Octubre, 1974

Sitzung vom 7. Oktober, 1974

M. ODRIOZOLA

Universidad Politécnica

Madrid

ESPAÑA

RASTREADORES DE GENES

La duración de esta conferencia está limitada tan estrictamente como lo está todo en estos tiempos. Un autor español, Eugenio D'ORS, pensaba que nuestra principal riqueza cifrase en nuestros límites. Esto le gustaría a nuestro Presidente, que cuenta entre sus relevantes trabajos uno (ROBERTSON, 1960) sobre límites en la selección artificial. Voy a intentar decir las limitaciones que me he puesto para esta conferencia, pasando en silencio las inseparables del conferenciante.

Genes no van a ser aquí las unidades de transmisión hereditaria corrientemente detectadas por sus variantes, sea la que sea la fuente de éstas: recombinación, mutación, puede que incluso algo distinto.

Sino que genes van a ser los que han solido ser llamados cistrones: trencos de DNA, cada trencito mucho mayor que los pocos pares de nucleótidos que representan probablemente las unidades de recombinación o mutación. Muchos, llenos de optimismo, suponen que el trencito en cuestión tiene fronteras precisas: dentro, se pone en marcha algo que va a gobernar una función, bien dictando la síntesis de un cierto enzima (u otra clase de polipéptido), bien desplegando poderes más difusos, llamados "reguladores" a veces.

Como secuela de la especificación, la conferencia concierne directamente a lo que sucede en el individual eucariota. La herencia es una derivación, cuya importancia ha de ser calibrada por la importancia de cada función.

En fin, la conferencia tratará ante todo de las embestidas experimentales a los genes que gobiernan las funciones: no se dirá mucho de modelos, menos aún de esa clase de modelo, ahora corriente, que adopta un aire de axioma más que de postulado.

* * *

Ataques experimentales a los genes: esto evoca el rastreo. Cuando se rastrea un animal —un venado, un faisán, una trucha, una mariposa— no se piensa sólo en su escondite. El animal lo tiene; pero se mueve: si no, el rastreo no tendría gracia.

En The Art of Memory, YATES (1960) se refiere repetidamente a una distinción de los griegos, después latinizada por CICERÓN, QUINTILIANO y el desconocido autor de Ad Herennium: la distinción entre loci e imágenes.

· Loci son espe
metáforas: como
cepto de un en!
¿Ensayaremos
del sensorio —i
ser orugas (a ve
pués, emerge la
la crisálida, que
ñando, diríamos
rridizo de los ra

Muchos hay
yo para hablar
riesgo de caer

Estrategia "i
ta de sorprende

Estrategia "i
para hacer algo
los delfines y la
parte del teatro
olor) que ha de

Estrategia "i
de la función y
estar situado, c
dirección partic
treador trata de

Ahora, tome
sobre lo que m
genes. La cosa
bajos de los in

Cuando sigi
animales: trata
logos envolverí
cias (juntamen
sostener un tin

Así, el exp
considera como
diferencias ind

Esta actitu
lente postura s
quiere decir).
(1971) escribe
en caracteres p
gestación.

Hay otra p
pación por las
genomio de un

Loci son espaciales. ¿Qué son las imágenes? Cabe sostener que imágenes son metáforas: como —según mi joven colega GARCÍA OLMEDO— el meollo en el concepto de un enlace químico es, hoy por lo menos, una metáfora —y nada más. ¿Ensayaremos ahora una metáfora para la metáfora misma? Las impresiones del sensorio —incluyendo cualquier clase de datos experimentales— vienen a ser orugas (a veces, tan devorantes como estas mismas). Después, mucho después, emerge la idea, imago de rápido vuelo. Pero en el ínterin está la imagen: la crisálida, quieta en apariencia, vibrante por dentro con su vida en marcha; soñando, diríamos, sus sueños revestidos de misterio. Imágenes, el objetivo escurecido de los rastreadores de genes.

Muchos hay en estos días. La mayor parte de ellos tienen mejores títulos que yo para hablar de ello. Pero como de momento me han puesto en el caballo, a riesgo de caerme, intentaré una clasificación de métodos de rastreo.

Estrategia "A". El rastreador sabe algo de donde se esconde el animal y trata de sorprenderle, para verlo bien o para retratarlo o para cazarlo.

Estrategia "B". El rastreador sabe o supone que el animal sale de su guarida para hacer algo: beber, matar para comer, bañarse, cantar, bailar (como hacen los delfines y las liebres y las comadreja), son posibles funciones. El rastreador parte del teatro de la función y trata de seguir, paso a paso, las huellas (o el olor) que ha dejado el animal al volver a la guarida.

Estrategia "C". El rastreador supone que existe una relación entre el hábito de la función y el de la "guarida": el lugar de la función, por ejemplo, podía estar situado, con más o menos verosimilitud, respecto al de la guarida, en una dirección particular (decidida tal vez por lunas o vientos o instintos). El rastreador trata de localizar la guarida según esa verosimilitud.

Ahora, tomando estas estrategias en orden inverso, haré algunos comentarios sobre lo que me parece ser la actual equivalencia de las tres en el rastreo de los genes. La cosa se reducirá a muy pocos ejemplos, no necesariamente sobre trabajos de los investigadores más conocidos.

* * *

Cuando sigue la estrategia C, el investigador suele trabajar con grupos de animales: trata de rastrear un grupo de genes paralelos. Paralelos —decir homólogos envolvería una delicada suposición citológica— no idénticos: sus diferencias (juntamente con relaciones de parentesco entre los animales) tienen que sostener un tinglado lo bastante espacioso para lanzar la operación desde él.

Así, el experimentador, normalmente (quizás debería decir gaussianamente) considera como un fin las propiedades de la población, y sólo como un medio las diferencias individuales.

Esta actitud nos es muy familiar a todos. Porque, además, refleja la prevalente postura social hacia "el bienestar de la masa" (que cualquiera sabe lo que quiere decir). Así que pocas veces es puesta en tela de juicio. Con todo, STENT (1971) escribe que el hecho de que la Genética Bacterial se base generalmente en caracteres poblacionales fue uno de los dos rasgos que motivaron su dilatada gestación.

Hay otra propiedad principal en la estrategia C. Quizás mana de su preocupación por las unidades de transmisión, muy pequeñas y muy numerosas en el genoma de un individuo. Cuando la tendencia del investigador es a considerar

como genes esas unidades, cada ocurrencia en un organismo —cada carácter, según el léxico usual— ha de ser influida por muchos genes. De aquí hay sólo un paso a concentrarse en los caracteres cuantitativos. Un paso más, y asumiríamos que esos genes actúan aditivamente.

Si el último, y temerario, paso no se da, hay que afrontar las ortigas de la interacción. Primera barrera de ortigas: distinguir no un gene de otro, sino un "factor efectivo" (en el sentido de Mather) de otro. Segunda barrera: distinguir entre efectos hereditarios y ambientales. Entre las tácticas empleadas, probablemente las más eficaces son las distintas formas del análisis de regresión de una variable coronada como dependiente —como la Reina de Inglaterra en Westminster— sobre las otras variables.

Con estas tácticas, es asunto enmarañado interpretar los resultados cuando —como suele ocurrir— los regresores son interdependientes. Para esquivar este escollo, cabe suponer que lo que existe entre dos o más variables es una relación estructural (en sentido estadístico). Un ejemplo de esta táctica es el trabajo de TAI (1971) sobre patatas.

Están, también, los variados artilugios para encontrar atajos en una situación con muchas variables interdependientes: análisis de componentes principales (y su emanación, el de coordenadas principales); correlaciones canónicas; análisis de factores (que no es, por supuesto, lo mismo que el llamado factorial); y, como una relativa novedad, análisis de pléyades como lo aplicaron ABOU-EL-FITTOUH et al. (1969) al algodón. La interpretación de estos procedimientos plantea casi siempre problemas formidables.

* * *

Los rastreadores tipo B son a menudo acusados de que sólo les interesan las semejanzas, no las diferencias, entre los animales que persiguen. Cabría, al contrario, argumentar que el rastreador tipo B usa las analogías para conseguir una imagen neta de lo que es único en cada individuo.

A la estrategia B no le falta su respectiva colección de ortigas. Arranca del fenotipo: con mucha frecuencia, éste es difícil de definir. Pensemos en la alaznidad de un caballo alazán. Y éste es un caso más sencillo que la mayoría.

En muchos fenotipos, influencias hereditarias y ambientales se enredan de tal modo, que el resultado es inestable. No sirve de mucho hablar de grados de penetrancia; qué poco es lo que se sabe del carácter "grupa de potro" en el ganado vacuno. Incluso en *Drosophila*, SANG y BURNET (1967) encuentran una situación intrincada al estudiar la formación de melanomas. Para poner la cosa aún más sinuosa, un mismo fenotipo puede resultar de muchas constelaciones genéticas distintas, para no hablar de las fenocopias. Tampoco aquí sirve de mucho recostarse blandamente en los iso-alelos. WATT (1972) comenta el caso frecuente en que dos secuencias "no son lo bastante similares para ser genuinamente alélicas"; no menciona siquiera la dificultad más fuerte, la de las fronteras espaciales del locus. Muchas veces, genes con efectos no distinguibles se encuentran claramente en loci distintos; por ejemplo, en distintos grupos de ligazón.

El rastreador B quiere seguir las huellas. Si uno se contenta con rastrear el polipéptido que ha sido dictado, mucha gente diría que eso se ha puesto muy

en claro en los eucariota parec el DNA nuclea

Los anticue Casi se aturde ten en un indi DNA, en las e mutación. La lulas somáticas genuinas recon las dos clases t nitud.

Muy en bo de anticuerpos nas como en constantes. Es tidas de DNA la explicacion entre 10 y 15 de cada una; l

La idea de de anticuerpos hace mucho, s

Lo que se más complejos parece muy gr de la xantato- electroforesis noácidos podí cambios en su

Respecto a distinción enti y bastante ref considerar coi teínas, a su ve gente que per de un potro, s

Antes de ahora, ha con, bran para c Entre estas c sentan varias produce una híbridas de hu lidos para asi cretos. Ellos c puede ser log cuencia de roi (1974) usandc

en claro en los últimos años. Lo cual es sostenible en el procariota. Pero en el eucariota parece haber una larga y mal conocida serie de acontecimientos entre el DNA nuclear y el polipéptido.

Los anticuerpos del suero sanguíneo parecen bastante bien caracterizados. Casi se aturde uno al pensar en la multitud de anticuerpos distintos que coexisten en un individuo. Cabe concebirla como brotando de cambios que atañen al DNA, en las estirpes de las células somáticas: bien por recombinación, bien por mutación. La novedad en el esquema de Burnet fue la idea de que, en esas células somáticas, mutaciones podían ocurrir con la misma o mayor frecuencia que genuinas recombinaciones; al paso que, en células germinales, se sabe que, de las dos clases de ocurrencia, mutación es la más rara por varios órdenes de magnitud.

Muy en boga parece ahora una nueva idea sobre el origen de la diversidad de anticuerpos: basada en las regiones variables que, tanto en las cadenas livianas como en las pesadas, de la estructura cuaternaria, alternan con regiones constantes. Esto sugiere una explicación más del enigma de las secuencias repetidas de DNA que en eucariotas parecen ser tan abundantes —casi tanto como las explicaciones que se han ido proponiendo—. El genomio de *Drosophila* tiene entre 10 y 15 por 100 de secuencias redundantes, con una media de 30 copias de cada una; las respectivas cifras en la vaca parecen ser 45 por 100 y 100.000.

La idea de las regiones variables implica llevar la cuestión de la diversidad de anticuerpos al campo de la selección natural; en el cual, alguien ha dicho no hace mucho, se puede explicar todo lo que uno quiera.

Lo que se piensa sobre anticuerpos hoy, ¿se pensará mañana sobre fenotipos más complejos? Sea de esto lo que sea, la variabilidad natural en polipéptidos parece muy grande. BERNSTEIN et al. (1973), respecto a la determinación genética de la xantato-deshidrogenasa, señalan una posible insuficiencia de las técnicas de electroforesis para descubrir variación enzimática: ya que sustituciones de aminoácidos podían cambiar la desnaturabilidad (por el calor) de la molécula, sin cambios en su movilidad.

Respecto a los fenotipos más complejos, MILKMAN (1970) trató de asentar una distinción entre fenos moleculares (bastante próximos a una cierta acción génica y bastante referibles a la misma) y rasgos visibles y fisiológicos, que habría que considerar como ocurrencias observables que resultan de interacciones de proteínas, a su vez inmersas en —casi absorbidas por— el cambiante ambiente. Hay gente que persevera en rastrear pistas así de entrecruzadas: no ya la capa alazana de un potro, sin la forma de sus orejas o su capacidad de ganar el Derby.

Antes de aludir a estas tácticas perseverantes, mencionaré otra que, hasta ahora, ha confinado sus logros a los fenos moleculares: la de la fusión de membranas para combinar, en una célula somática, núcleos genéticamente distintos. Entre estas células híbridas, las formadas a base del hombre y algún roedor presentan varias ventajas: por de pronto, en la descendencia de estas células se produce una pérdida preferencial de cromosomas humanos. Empleando células híbridas de hombre y ratón, RICCIUTI y RUDDLE (1973) encontraban motivos sólidos para asignar a cromosomas concretos, loci concernientes a fenotipos concretos. Ellos añaden que esto no es lo mismo que una cartografía precisa: la cual puede ser lograda mediante la detección de cromosomas alterados como consecuencia de rotura espontánea, envolviendo deleciones o translocaciones. SUN et al. (1974) usando células híbridas de hombre y *Micromicetus auratus* dicen haber

situado el factor que en el hombre provoca la galactosemia. Al parecer, más de 29 genes humanos han sido asignados a sus cromosomas por estos métodos.

KAO (1973) fusionó eritrocitos de pollo con células mutantes (auxótrofas para la adenina) de *Micromycetus*. Al parecer, el genoma aviar en bloque puede ser reactivado, tras la fusión, con vistas a la mitosis. Genes del pollo son localizados cromosómicamente del mismo modo que en el caso en que las células híbridas quedaban dentro del campo de los mamíferos.

Vamos ahora con los perseverantes. En la temerosa selva del desarrollo del individuo, *Drosophila* ha sido material de estudios cautivadores: entre ellos, los que se refieren a una concepción más ancha de la homeosis que bautizó BATESON; la contribución de HADORN ha de citarse en primer término, sin olvidar las de HANNAH-ALAYA (1958) y GARCÍA BELLIDO (ver GARCÍA BELLIDO y MERRIAM, 1971). Efecto de trans-vección fue el nombre dado por LEWIS (1954) a la potenciación, del fenotipo corrientemente provocado por el factor bx, cuando aparece una fisura en el brazo derecho del tercer cromosoma entre el centrómero y el locus bithorax. La potenciación proporcionó un buen método para detectar puntos de rotura en esa región. Supresores están de moda después de los fuertes avances en la investigación de procariontes; pero KAUFMAN et al. (1973) sugieren que también puede haber potenciadores y, en suma, interacción: en este caso, entre los efectos de dos loci complejos, zeste y bithorax. Algunos investigadores miran tal estilo de loci como grutas para supergenes. En el paisaje B, una cierta ocurrencia (fenotipo) se dibuja como el resultado de un lance de rugby —unos pocos, fuertes jugadores con interacciones intrincadas— más bien que como la aparentemente aditiva aportación de granos al hormiguero, hecha por cientos de hormigas, en el paisaje C.

THODAY y su escuela (ver, por ejemplo, SPICKETT y THODAY, 1966), trabajando también con *Drosophila*, desplegaron técnicas —basadas en el uso de marcadores muy efectivos— para la localización de supuestos poligenes, que pueden resultar no tan numerosos en fin de cuentas. Thoday mismo ha subrayado que métodos similares (WEHRHAHN y ALLARD, 1965) han dado resultados halagüeños en el trigo: organismo no sólo muy lejano de *Drosophila* en la Taxonomía, sino además habitualmente autógeno.

Las hormonas, durante muchos años uno de los sectores fisiológicos más alejados de la Genética, están siendo estudiadas en su interacción con productos inmediatos de la actividad génica, si no con el propio DNA. WIGGLESWORTH, en el Simposio sobre Genética Endocrinológica que tuvo lugar en 1966 en Cambridge, citó la frase de GALILEO de que la verdad está a menudo mucho más cerca de lo que pensamos, y es a menudo mucho más simple de lo que sospechamos. Esto era en respuesta a las dudas de THODAY, de que efectos simples de relaciones de permeabilidad puedan controlar sutiles procesos de la acción génica. En otra sesión del propio Simposio, WIGGLESWORTH sugirió que la diferenciación de ciertas partes del cuerpo puede ser controlada por rampas de actividad química que operen sobre el sistema génico. Comparó la acción de la ecdysona a la de una llave abriendo la caja de Pandora que encierra los efectos, primarios y secundarios, del DNA.

* * *

En fin, la estrategia A: el avance directo hacia los nidos del DNA. Esta es la moda; lo cual envuelve, no sólo que mucha gente la sigue, sino su ración de

críticas feroces, alguna acusa a los rastreadores químicos sin permitirles buscar al pájaro errante cuando no se sabe

Sólo hay tiempo de introducir, en la cosa siga función quiera entran en la relata experiencias huevo son grandes 100 veces más chi pequeño. Por cierto llegan a tener 10¹ a tener los mamá

El descubrimiento la doble hélice abrió camino a nuevas cadenas de diferencia la hibridación, de RNA radiactivo. dos por autorradiación de nucleótidos."

SHIH y MARTINIFICACIÓN cuantitativa de afinidad con debería ser también de organismos con res de bases". L con sus genómicas

BLUMENFELD muy parecidas detectada por haberse como apunta

Es muy natural aplicación de la nada, la de especies han brillado la única excepción una especie de mencionada.

Si pensamos doméstico, sup especie de, ha controlada interacción crecimiento genética en D.

nia. Al parecer, más de por estos métodos. tantes (auxótrofas para r en bloque puede ser el pollo son localizados ue las células híbridas

elva del desarrollo del dores: entre ellos, los isis que bautizó BATE-érmino, sin olvidar las

BELLIDO y MERRIAM, wis (1954) a la poten- or bx, cuando aparece re el centrómero y el do para detectar pun- espúes de los fuertes et al. (1973) sugieren acción: en este caso, lgunos investigadores paisaje B, una cierta nce de rugby —unos ís bien que como la hecha por cientos de

DAY, 1966), trabajan- en el uso de marca- ligenes, que pueden o ha subrayado que sultados halagüeños la Taxonomía, sino

fisiológicos más ale- ción con productos WIGGLESWORTH, en en 1966 en Cam- enudo mucho más e de lo que sospe- ue efectos simples cesos de la acción ugirió que la dife- por rampas de ac- ró la acción de la ncierra los efectos,

del DNA. Esta es sino su ración de

críticas feroces, algunas a cargo de investigadores de primera clase. Como la que acusa a los rastreadores A —a los biólogos moleculares— de “practicar la Bioquímica sin permiso”, o esa otra —quizá mejor fundada— de que una cosa es buscar al pájaro en su nido, cuando se sabe donde está éste; otra muy distinta, cuando no se sabe, ir vareando “a rumbo” los arbustos.

Sólo hay tiempo de mencionar unas pocas de las tácticas A. Está el intento de introducir, en células vivas, macromoléculas purificadas y de tal modo que la cosa siga funcionando bien. Ardua empresa, pues las macromoléculas ni siquiera entran en la célula con facilidad, en condiciones standard. GURDON (1974) relata experiencias sobre esto, hechas sobre todo con Anfibios, cuyas células-huevo son grandes, y por ello material favorable: el huevo de *Drosophila* es casi 100 veces más chico que el de *Xenopus* y el de los ratones es 4.000 veces más pequeño. Por cierto, algunos Anfibios tales como el salamándero *Amphiuma* llegan a tener 10^{11} pares de bases en su genomio, frente a 3×10^9 que vienen a tener los mamíferos.

El descubrimiento, en 1960, por MARMUR (ver MARMUR et al., 1963) de que la doble hélice puede ser reconstruida de cadenas complementarias en solución, abrió camino a muchos experimentos sobre hibridación, basados en anillar dos cadenas de diferente origen, de ácido nucleico. PARDUE y GALL (1972) describen la hibridación, de DNA desnaturalizado, con DNA en cadena sencilla o con RNA radiactivo. “Los sitios de hibridación —escriben— son entonces detectados por autorradiografía, permitiendo la localización de específicas secuencias de nucleótidos.”

SHIH y MARTIN (1973) describen “un nuevo método para el aislamiento y purificación cuantitativos de una precisa secuencia de DNA, usando cromatografía de afinidad con RNA complementario como fase estacionaria...; esta técnica debería ser también útil para aislar específicas secuencias de DNA en las células de organismos complejos, incluso cuando el genomio contiene más que 10^9 pares de bases”. Los autores subrayan el especial interés de los virus tumorales, con sus genomios integrados en el cromosoma de la célula-huésped.

BLUMENFELD et al. (1973) comentan la existencia, por ejemplo entre especies muy parecidas de roedores, de homología parcial en las secuencias, que no es detectada por hibridación de DNA in vitro. Este comentario podría interpretarse como apuntando a una debilidad inherente de la estrategia A.

* * *

Es muy natural que cierre este galope refiriéndome al tema del Congreso: la aplicación de la Genética a la producción animal. Esta producción es, más que nada, la de especies domésticas de aves y mamíferos. Y resulta que tales especies han brillado por su ausencia en las tácticas experimentales comentadas, con la única excepción del trabajo de KAO sobre el genomio del pollo. En contraste, una especie de mamífero muy especial —la nuestra— ha sido repetidamente mencionada.

Si pensamos en la *Drosophila* de especies salvajes, en el hombre, y en el cerdo doméstico, supondremos que juega sola la selección natural en la primera; una especie de, hum, selección natural en los humanos; en los cerdos, reproducción controlada interactuando con la selección natural. El orden parece indicar complicación creciente. En otro ámbito, hallamos hoy un alto nivel de cartografía genética en *Drosophila*, un bajo nivel en el hombre, nada en el cerdo. Según

ciertos cálculos de la escuela de HUBBY, el insecto medio puede ser homocigoto en 80 por 100 de sus loci, el hombre en casi 95 por 100. Estas son estimaciones por electroforesis, que pueden dejar escapar tres cuartas partes de la variabilidad genética. Haciendo este imprudente cálculo, la homocigosis verdadera vendría a ser más bien 20 por 100, 80 por 100, respectivamente, en los insectos y en el hombre. Por largos años he practicado, en cerdos, consanguinidad de modo tan "impune" que me tienta a suponer muy alta la homocigosis probable en mis contingentes de fundación (que fueron, siempre, muestras bastante imparciales de las poblaciones respectivas): a suponer, esa homocigosis, quizá aún más alta que la cifrada más arriba para poblaciones humanas. Así, por tercera vez en estas confrontaciones por supuesto fantásticas, encontraríamos al hombre en posición intermedia, respecto a los insectos y al cerdo.

Como he dado a entender, soy ante todo un criador de cerdos. Fundé en 1931 una piara cerrada de cerdos Large White en Pontevedra y en 1945 una de cerdos ibéricos en Oropesa. Ambas siguen vivitas y coleando. No voy a entrar ahora en mis métodos o resultados, aparte de decir que mis procedimientos pueden ser considerados como cría quasi-empírica.

El criador práctico emplea usualmente procedimientos empíricos; incluso cuando hibrida —ahora como en los tiempos de Bakewell y, dicho sea de paso, como muchos experimentadores están haciendo asiduamente con núcleos somáticos o con cadenas de ácido nucleico—. Y hay que plantear esta cuestión: ¿qué puede, el criador práctico de hoy, absorber con provecho, de los trabajos publicados por genetistas sobre la cría del ganado?

Pues no mucho.

Quizás dentro de ocho o diez años, los rastreadores —sobre todo los A— habrán aclarado muchas cosas. Ojalá tengan acierto.

Pero, ¿qué si no es todo esto, después de todo, una caza como es debido? ¿Si los genes son como ondas, no como cuerpos o partículas? ¿Qué encontrar, dónde buscar, si sobre rocas o arenas del ambiente rompe la acción de los genes, incontrastable, impredecible?

FLAIREURS DE GENES

RÉSUMÉ

Si l'on s'en tient à l'acceptation du concept de gène comme cistron, c'est à dire le segment de DNA qui gouverne une fonction définie, on peut classer les méthodes utilisées aujourd'hui d'une façon courante pour localiser de tels segments en trois catégories :

Dans l'une d'entre elles, le pisteur, c'est à dire l'expérimentateur, travaille sur un groupe d'animaux de la même famille qui se différencient par certains caractères, et utilisant des méthodes statistiques il essaye d'attribuer le caractère à un gène.

Dans la seconde, l'expérimentateur travaillant avant tout sur des individus, part de la fonction et essaye de remonter le sentier souvent sinueux qui va de cette fonction au gène qui en est responsable.

Dans la troisième, l'expérimentateur va d'emblée aux chaînes de DNA qui se trouvent dans le noyau de la cellule, pour par la suite débroussailler sa segmentation fonctionnelle.

Wenn wir d
stimmte Funkt
Methoden um

In einer vo
pen von verwar
Durch statistis
ziehen.

In der zwei
Er geht von d
von dieser Fur
die Regierung

In der dritt
ten die im Ker
schnitten zur e

ABOU-EL-FITTOU
ronments to e
Crop Science,
BERNSTEIN, S. C.
in natural po
BLUMENFELD, M
lite DNAs in
GARCÍA-BELLIDO,
discs of *Dros*
GURDON, J. B. (1
HANNAH-ALAVA,
melanogaster
KAO, FA TEN (1
chick erythro
70:2893.
KAUFMAN, T. C.
loci, zeste al
LEWIS, E. B. (1
somal rearra
MARMUR, J.; R
of DNA". P
MILKMAN, R. (1
Advances in
PARDUE, M. L.,
and Develop
RICCIUTTI, F. C
the human
ROBERTSON, AL
153:234.
SANG, J. H., an
phila melani

uede ser homocigoto
 as son estimaciones
 rtes de la variabili-
 osis verdadera ven-
 e, en los insectos y
 inginidad de modo
 is probable en mis
 astante imparciales
 quizá aún más alta
 por tercera vez en
 s al hombre en po-
 z cerdos. Fundé en
 a y en 1945 una de
 o. No voy a entrar
 procedimientos pue-
 empíricos: incluso
 dicho sea de paso,
 con núcleos somá-
 esta cuestión: ¿qué
 de los trabajos pu-

obre todo los A—
 a como es debido?
 s? ¿Qué encontrar,
 ición de los genes,

me cistron, c'est à
 on peut classifier
 ir localiser de tels
 rentateur, travaille
 icient par certains
 attribuer le caract-

sur des individus,
 sinueux qui va de
 lines de DNA qui
 roussailler sa seg-

GENNACHSPÜRUNG

ZUSAMMENFASSUNG

Wenn wir die Annahme Gen als Cistron —Abschnitt des DNA der eine bestimmte Funktion regiert— akzeptieren, können wir die heute am häufigsten Methoden um diese Abschnitte zu lokalisieren, in drei Kategorien einteilen.

In einer von ihnen arbeitet der Spürer, also der Experimentierer, mit Gruppen von verwandten Tieren die in bestimmten Charakteren Unterschiede zeigen. Durch statistische Taktik versucht er dann den Charakter den Gen zuzubeziehen.

In der zweiten arbeitet der Experimentierer im allgemein über Einzelwesen. Er geht von der Funktion aus und versucht den meistens schweren Weg der von dieser Funktion zum Gen führt, zurückzugehen; und zwar zum Gen der die Regierung der Funktion verursacht hat.

In der dritten Kategorie greift der Experimentierer d'emblée die DNA-Ketten die im Kern der Zelle residieren an, um ihre funktionelle Trennung in Abschnitten zur ergründen.

REFERENCES

- ABOU-EL-FITTOUH, H. A.; J. O. RAWLINS and P. A. MILLER (1969): "Classification of environments to control genotype by environment interactions with an application to cotton". *Crop Science*, 9:135.
- BERNSTEIN, S. C.; L. H. THOCKMORTON and J. L. HUBBY (1973): "Still more genetic variability in natural populations". *Proc. N.A.S.*, 70:3928.
- BLUMENFELD, M.; A. S. FOX and H. S. FORREST (1973): "A family of three related satellite DNAs in *Drosophila virilis*". *Proc. N.A.S.*, 70:2772.
- GARCÍA-BELLIDO, A., and J. R. MERRIAM (1971): "Genetic analysis of cell heredity in imaginal discs of *Drosophila melanogaster*". *Genetics*, 43:878.
- GURDON, J. B. (1974): "Molecular biology in a living cell". *Nature*, 248:772.
- HANNAH-ALAYA, ALOHA (1958): "Developmental genetics of the posterior legs in *Drosophila melanogaster*". *Genetics*, 43:878.
- KAO, FA TEN (1973): "Identification of chick chromosomes in cell hybrids formed between chick erythrocytes and adenine-requiring mutants of Chinese hamster cells". *Proc. N.A.S.*, 70:2893.
- KAUFMAN, T. C.; S. E. TASAKA and D. T. SUZUKI (1973): "The interaction of two complex loci, *zeste* and *bithorax*, in *Drosophila melanogaster*". *Genetics*, 75:299.
- LEWIS, E. B. (1954): "The theory and application of a new method of detecting chromosomal rearrangements in *Drosophila melanogaster*". *Am. Nat.*, 88:225.
- MARMUR, J.; R. ROWND and C. L. SCHILDKRAUT (1963): "Denaturation and renaturation of DNA". *Progress in Nucleic Acid Research*, 1:231.
- MILKMAN, R. (1970): "The genetic basis of natural variation in *Drosophila melanogaster*". *Advances in Genetics*, 15:55.
- PARDUE, M. L., and J. G. GALL (1972): "Molecular Cytogenetics". In *Molecular Genetics and Developmental Biology*. Prentice-Hall, Englewood Cliffs.
- RICCIUTTI, F. C., and F. H. RUDDLE (1973): "Assignment of three loci to the long arm of the human X chromosomes by somatic cell genetics". *Genetics*, 74:661.
- ROBERTSON, ALAN (1960): "A theory of limits in artificial selection". *Proc. Roy. Soc. B.*, 153:234.
- SANG, J. H., and B. BURNET (1967): "Physiological genetics of melanotic tumors in *Drosophila melanogaster*", IV. *Genetics*, 56:743.

- SHIH, T. Y., and M. A. MARTIN (1973): "A. general method of gene isolation". *Proc. N.A.S.*, 70:1697.
- SPICKETT, S. G., and J. M. THODAY (1966): "Regular responses to selection", III. *Genetical Research*, 7:96.
- STENT, G. S. (1971): *Molecular Genetics*, W. H. Freeman and Co., San Francisco.
- SUN, N. C.; C. C. CHANG and E. H. Y. CHU (1974): "Chromosome assignment of the human gene for galactose-1-phosphate uridylyltransferase". *Proc. N.A.S.*, 71:404.
- TAI, G. C. C. (1971): "Genotypic stability analysis and its application to potato regional trials". *Crop Science*, 11:184.
- WATT, W. B. (1972): "Intragenic recombination as a source of population genetic variability". *Am. Nat.*, 106:737.
- WEHRHAHN, C., and R. W. ALLARD (1965): "The detection and measurement of the effects of individual genes involved in the inheritance of a quantitative character in wheat". *Genetics*, 51:109.
- WIGGLESWORTH, SIR V. (1966): "Summing up: growth hormones and the gene system in the insect *Rhodnius*". In *Endocrine Genetics*. Camb. Univ. Press.
- YATES, F. A. (1966): *The Art of Memory*. Routledge and Kegan Paul.

Profesor
de la G.

Departam

El profes
1919. Se licenció
niendo el premic
Ciencias (Sección
Su director de tes
de la Universidad
miento en escolar
Bernardino de S.
Científicas, págs
cópicos y fisiológ
de y 751 niños d
las proporciones
Poco de
General y clases
(1943: prof. au
Antropología; 1'
51: prof. adj. de
1948, realizó un
ampliar sus con
estancia en el I
fesor Adriano B
algunos aspecto
ción y tinción c