

Secuenciado el quinto genoma humano

Los genes asiáticos se parecen más a los europeos que los africanos

GONZALO CASINO - Barcelona - 08/07/2009

La secuenciación de un genoma humano será pronto un proceso rutinario. Tras presentarse en 2001 el primer borrador, todo un hito científico anunciado a bombo y platillo por dos presidentes de Gobierno (Bill Clinton y Tony Blair), sólo se han secuenciado cuatro genomas de personas sanas. Hoy se publica en [Nature](#) el quinto, que aporta una valiosa información sobre la estructura de los genes y la variabilidad genética al compararlo con los cuatro precedentes. Aunque de momento se cuentan con los dedos de una mano, los investigadores anticipan que en los próximos años se descifrarán miles de genomas individuales.

El genoma que presenta hoy un equipo dirigido por Jeong-Sun Seo, de la Universidad Nacional de Seúl (Corea del Sur), corresponde a una persona de origen coreano. En la jerga científica se denomina AK1 y se viene a añadir a los de un chino (YH), un africano (NA18507) y dos más de origen europeo: James Watson, el que fuera director del consorcio público del Proyecto Genoma Humano, y Craig Venter, fundador de Celera Genomics, la empresa privada que rivalizó con el proyecto público para descifrar el primer genoma humano.

La enorme variabilidad genética humana ha quedado patente al comparar los cinco genomas: sólo comparten un 8% de los nueve millones de SNP o variantes de una sola letra estudiadas en las cinco personas. Un SNP significa simplemente la diferencia de una letra en la secuencia de 3.000 millones de pares de bases o letras de todo el ADN humano. Estos SNP normalmente no tienen ninguna importancia, pero una pequeña parte se asocia con enfermedades. El genoma coreano tiene un 21% de SNP únicos, que no comparte con ninguno de los otros cuatro genomas.

"El coreano aporta información detallada sobre la estructura del genoma humano y datos sobre una nueva etnia", explica Xavier Estivill, director del Programa Genes y Enfermedades del Centro de Regulación Genómica, en Barcelona. Y añade: "Tener un mapa descriptivo de toda la variabilidad del genoma humano nos da herramientas para entender la función de los genes en relación con los rasgos individuales y diferentes enfermedades".

Con el progresivo perfeccionamiento y abaratamiento de las técnicas de secuenciación, este investigador aventura que pronto habrá un auténtico aluvión de genomas descifrados: "En pocos años, la secuenciación completa del genoma será un procedimiento casi tan rutinario en medicina como hoy lo es un escáner".

El genoma coreano o AK1 ayuda también a entender la ascendencia genética y las migraciones. Comparados con el genoma humano de referencia (el secuenciado por el consorcio internacional con el ADN de varias personas europeas o caucásicas), "el africano presenta más diferencias que los europeos o los asiáticos", explica Estivill. Esto indica que "la población africana es más antigua y ha tenido más tiempo de generar variaciones".