

¿Por qué son diferentes los hermanos?

Juan Segurola · Todos los derechos reservados

QUE · Artículo 029 · Preguntas sencillas, respuestas profundas · Versión 0.1 ES

Dos hijos pueden tener los mismos progenitores biológicos sin recibir la misma combinación de variantes heredadas. Cada concepción reúne un par distinto de gametos. Después, el desarrollo sigue una historia diferente, incluso cuando se comparte gran parte del ambiente familiar. Ni «los mismos padres» ni «el mismo hogar» significan un material inicial y una experiencia idénticos.

La pregunta también necesita especificar una diferencia. El color de ojos, la estatura, una respuesta inmunitaria y una preferencia personal no son un único fenotipo con una sola explicación. Pueden diferir en su arquitectura genética, su sensibilidad ambiental y la forma de medirlos. Una explicación general de la variación entre hermanos debe explicar por qué se esperan diferencias sin pretender predecir cada característica individual.

1. Los cromosomas se heredan en combinaciones

Durante la meiosis, los cromosomas homólogos emparejados se segregan en los gametos. El entrecruzamiento intercambia material entre homólogos, de modo que un cromosoma heredado puede portar un mosaico de segmentos procedentes de las dos copias correspondientes de un progenitor. OpenStax describe estos procesos, y el glosario del NHGRI distingue la recombinación como un intercambio entre moléculas de ADN relacionadas. [1,2]

La conocida frase de que los hermanos comparten la mitad de sus genes exige cuidado. Los humanos ya compartimos la mayor parte de nuestra secuencia de ADN. En este contexto, «la mitad» suele referirse a la proporción esperada de variantes parentales o segmentos cromosómicos heredados que se comparten por descendencia, no a que la otra mitad de su ADN sea material biológico sin relación.

Ese valor esperado tampoco es una fracción medida exacta para cada pareja. La meiosis produce combinaciones variables. Un promedio poblacional puede ser útil y dejar variación entre hermanos concretos, del mismo modo que el resultado esperado de un muestreo repetido no determina cada extracción.

2. Un pequeño modelo de herencia

Tomemos una posición autosómica y supongamos que las dos copias de la madre pueden distinguirse como M1 y M2, y las del padre como F1 y F2. Suponemos que cada una se transmite con probabilidad de un medio y que las transmisiones a los dos hijos son independientes. Los hermanos tienen una probabilidad de un medio de coincidir en la copia heredada de la madre y de un medio de coincidir en la heredada del padre.

Bajo estos supuestos, comparten ambas copias por descendencia con probabilidad de un cuarto, una copia con probabilidad de un medio y ninguna con probabilidad de un cuarto. El número esperado de copias compartidas es $2 \times 1/4 + 1 \times 1/2 + 0 \times 1/4 = 1$ de 2. De ahí procede el valor esperado local de un medio.

Una sucesión de posiciones a lo largo de un cromosoma no es un conjunto de lanzamientos independientes de una moneda. El ligamiento y la recombinación hacen que los sucesos hereditarios cercanos estén correlacionados. Por tanto, el modelo de una posición no puede multiplicarse sobre cada letra del ADN para calcular la semejanza genómica completa de una pareja real. Su finalidad es aclarar el valor esperado y sus supuestos.

3. El conocido recuento es solo un punto de partida

Si omitimos el entrecruzamiento, 23 pares de cromosomas que se distribuyen independientemente darían $2^{23} = 8\,388\,608$ combinaciones en un modelo simplificado de gameto. Combinar un gameto de cada progenitor da $2^{46} = 70\,368\,744\,177\,664$ emparejamientos posibles en ese mismo modelo simplificado. Son recuentos combinatorios, no números medidos de embriones viables o personalidades distintas.

El entrecruzamiento añade variación más allá de las combinaciones de cromosomas intactos. [1] Pero multiplicar posibilidades no explica ningún rasgo concreto. Muchas diferencias de secuencia tienen poco efecto sobre una medición especificada, y muchos rasgos dependen de combinaciones de influencias. Un gran número de combinaciones genéticas no puede interpretarse como el mismo número de resultados vitales predeterminados.

El cálculo es útil precisamente cuando sus límites permanecen explícitos. Muestra por qué repetir una concepción no tiene por qué repetir un genotipo. No asigna probabilidades a todas las apariencias, capacidades o experiencias posibles.

4. El desarrollo es una historia

El ADN heredado actúa en células que reciben señales, se dividen e interactúan con el tiempo. Dos individuos no recorren la misma trayectoria física. Incluso un hogar compartido incluye edades, relaciones, enfermedades, oportunidades y secuencias de acontecimientos diferentes. Algunas diferencias se miden fácilmente; otras son difíciles de registrar o de separar causalmente.

Esto no autoriza a llamar efecto ambiental a toda diferencia sin explicar. El error de medición, las diferencias genéticas no medidas, las interacciones y la variación del desarrollo pueden seguir siendo posibilidades. Un análisis responsable identifica lo que realmente se comparó, en lugar de utilizar «genes» y «ambiente» como recipientes en los que deba encajar todo resultado residual.

Los gemelos monocigóticos ofrecen una comparación importante porque se originan del mismo óvulo fecundado y tienen una composición genética inicial casi idéntica. La ficha del NHGRI sobre clonación describe explícitamente esa identidad aproximada, en lugar de prometer organismos idénticos. [3] La semejanza entre esos gemelos es informativa, pero no borra las distintas historias de desarrollo ni hace idénticos todos sus rasgos.

5. Qué puede establecer una comparación familiar

Si un rasgo se parece al de un progenitor, pueden coexistir varias explicaciones. Los progenitores transmiten variantes genéticas, pero también influyen en los ambientes, los recursos y las prácticas aprendidas. El parecido por sí solo no aísla la magnitud de cada contribución. A la inversa, una diferencia entre hermanos no demuestra que la herencia fuera irrelevante: no recibieron combinaciones idénticas.

Un rasgo hipotético medido con un instrumento impreciso añade otro problema. Supongamos que una misma persona obtiene puntuaciones diferentes en dos ocasiones porque varían la tarea y las circunstancias. Parte de la diferencia aparente entre dos hermanos reflejaría entonces variabilidad dentro de una persona o limitaciones de medición. Antes de explicar biológicamente una diferencia, hay que atender a la fiabilidad de la observación.

Las medidas poblacionales de contribución genética también se refieren a la variación en condiciones especificadas. No son porcentajes de la personalidad de un individuo concreto

ni límites fijos de lo que puede cambiar. El significado causal de una estadística poblacional no puede trasladarse automáticamente al futuro de un individuo.

6. Orígenes similares no son resultados idénticos

Los hermanos difieren porque las combinaciones heredadas difieren y porque el desarrollo no repite una historia idéntica. La recombinación y la segregación proporcionan mecanismos bien establecidos para la primera parte. [1,2] Explicar la magnitud y la causa de una diferencia concreta requiere evidencia adicional sobre el rasgo, los individuos y sus ambientes.

El error habitual es tratar una etiqueta compartida como un estado compartido: los mismos padres, los mismos genes, la misma crianza. Cada expresión condensa una variación real. Desplegarla hace menos misteriosas las diferencias entre hermanos y conserva la distinción entre explicar un mecanismo y predecir a una persona.

Lectura relacionada

El artículo 030, «¿Cómo pueden realizar distintas funciones células con el mismo ADN?», cambia la comparación entre individuos distintos por la de estados celulares distintos dentro de un organismo. El vínculo es opcional y recíproco.

Referencias

- [1] OpenStax. Biology 2e, apartado 11.1: The Process of Meiosis.
<https://openstax.org/books/biology-2e/pages/11-1-the-process-of-meiosis>
- [2] National Human Genome Research Institute. Homologous Recombination.
<https://www.genome.gov/genetics-glossary/homologous-recombination>
- [3] National Human Genome Research Institute. Cloning Fact Sheet.
<https://www.genome.gov/about-genomics/fact-sheets/Cloning-Fact-Sheet>