

de Secundaria.

Una enseñanza motivadora.

Frente a las dificultades están siendo cada vez más frecuentes determinadas propuestas imaginativas del profesorado, algunas fomentadas por la propia administración educativa y otras con un origen más singular que grupal, que persiguen una enseñanza motivadora de la Biología e intentan dar respuesta a las expectativas que se esperan de su aprendizaje. En el camino, se ha recurrido a distintas fórmulas de perfeccionamiento: en unos casos a una especialización didáctica en la formación o, en otros, a la formación a través de acciones formativas puntuales, grupos de trabajo o proyectos de innovación educativa.

Para ello se ha aprovechado el importante papel de la Biología en la Educación en Valores Positivos para el ser humano y en las enseñanzas transversales como Educación para el Desarrollo Sostenible (EDS) o Educación para la Salud (ES). También la repercusión en la práctica diaria de tendencias como la Investigación-Acción, frecuentemente relacionadas con el tratamiento de la transversalidad.

Sin pretensión de exhaustividad baste mencionar las experiencias de Ecoauditorías escolares o Ecoescuelas, como un excelente marco para la Investigación-Acción y la conexión del aprendizaje con las realidades más cercanas al alumnado, en un contexto transversal o proyectos innovadores como el tratamiento práctico de la Biología mediante resolución de problemas y experiencias en el laboratorio o la integración de valores como la coeducación, la paz y la solidaridad, que están permitiendo aplicar técnicas de trabajo en equipo, cooperativo, constructivo, responsable y solidario. En estas experiencias, el profesor de Biología aparece como mediador en la construcción de significados y el alumno como un agente activo del aprendizaje. Por su parte, y en su calidad de profesor-investigador, éste contribuye a mejorar no sólo su actividad docente, la adaptación de la misma a la realidad de su alumnado y su propio

contexto, sino que contribuye igualmente a mejorar la calidad educativa en general y a explorar nuevos caminos educativos muy necesarios en la actualidad.

En definitiva, se trata de iniciativas nada desdeñables en el panorama actual de la enseñanza de la Biología en las etapas obligatorias, que tienen en cuenta en el proceso de enseñanza/aprendizaje el desarrollo psicoevolutivo del alumnado, consolidando en él el conocimiento biológico básico, consecuencia de una «cultura de la Biología», como cultura científica en la construcción de conocimientos e interpretaciones del mundo, que va más allá de la mera aplicación del «método científico» como procedimiento infalible, diseñado sobre pautas que deben seguirse escrupulosamente para la resolución de los problemas planteados.

Pero tampoco puede olvidarse el campo de las actitudes, donde lo frecuente es que la conciencia, a la que ha contribuido el proceso de enseñanza/aprendizaje, (por ejemplo una conciencia proambiental como la del uso sostenible de los recursos naturales) no suele coincidir con el comportamiento (por ejemplo un comportamiento poco proambiental como consumidor de recursos y alimentos, energía o transporte), a veces por obstáculos en la propia persona —que habrán de ser superados mediante el trabajo educativo— y otras veces por obstáculos en el contexto vital de las personas —la persona tiene conciencia y predisposición a un comportamiento positivo que no ejerce por ser demasiado complicado en su medio habitual: ¿quién renuncia a limitar su consumo frente a todo lo que ofrece el sistema, sólo por ser coherente con su propia conciencia?—.

Al fin se trataría de reducir la distancia entre la conciencia derivada del conocimiento adquirido para poder interpretar la problemática vital en la que vive inmerso el individuo y la colectividad de la que forma parte, así como el comportamiento en la materialización de las respuestas efectivas ante tal problemática.

Agradezco al profesor Aurelio Cabello, su lectura comentada de este artículo.

TENDENCIAS EN LAS «ÓMICAS» DE PLANTAS

Concepción Avila Sáez

Profesor Titular, Departamento de Biología Molecular y Bioquímica, Universidad de Málaga.

El avance de la Genética Molecular y Celular y el poder de las tecnologías de la información ha permitido que la genómica, junto con la bioinformática, estén generando catálogos completos de todos los genes, además de su localización y función. Este avance de la ciencia ha sido exponencial en los últimos 30 años.

Las aproximaciones tradicionales para aislar genes de plantas implicaban la utilización de técnicas moleculares y genéticas, incluyendo la prospección de genotecas, clonación basada en la homología y el mapeo, así como la selección de mutantes fisiológicos y de desarrollo. La mayoría de estas estrategias experimentales van

encaminadas a la caracterización de un sólo gen y su aislamiento es un prerrequisito para llevar a cabo cualquier estudio posterior. Con echar un vistazo a las últimas publicaciones en Biología Molecular de plantas podemos darnos cuenta de que este enfoque está cambiando. Cada vez es más frecuente arrancar un proyecto de investigación con una secuencia de ADN encontrada en una base de datos. Se pueden identificar nuevos genes por búsqueda directa en las bases de datos en virtud de su similitud con genes conocidos, una aproximación bioinformática análoga a la prospección de una genoteca usando hibridación con sondas de ácidos

nucleicos. Las iniciativas «genoma» y los recursos de la internet que contienen información de secuencias han cambiado de forma drástica la biología experimental en plantas proporcionando a los investigadores nuevos caminos para el descubrimiento de genes. Los proyectos de secuenciación de genomas enteros permiten obtener información sobre la estructura génica, la organización del genoma y sobre su evolución. El gran tamaño de muchos de los genomas de plantas hace que esta aproximación se haya limitado, sin embargo, a unas pocas especies.

Arabidopsis thaliana es la primera planta cuyo genoma (130 Mb) se ha secuenciado completamente. No obstante, a pesar de la importancia de este hecho y la aplicabilidad de esa información a secuencias en otras especies (incluidas plantas de interés agrícola), su utilización presenta algunas limitaciones que la comunidad científica está tratando de subsanar rápidamente. La secuenciación del genoma de arroz, que se está completando, es particularmente importante, ya que permitirá disponer de un genoma de monocotiledónea de referencia. En contraste con *Arabidopsis* y otras plantas, *Medicago truncatula* tiene la habilidad de fijar nitrógeno y sirve como organismo modelo de la familia de las leguminosas. Para revelar el programa genético de la fijación simbiótica de nitrógeno y por su relevancia no sólo biológica sino agrícola, el genoma de *Medicago truncatula* también se está secuenciando en la actualidad. La secuenciación del genoma de maíz también está en curso ya que su tamaño del genoma es como el de otras plantas (2500 Mb), aunque considerablemente mayor que los de *Arabidopsis* y de arroz. Por último, acaba de completarse la secuenciación del genoma de chopo, constituyendo la primera referencia en árboles.

Con el aumento de secuencias de genes en las bases de datos, se ha producido una explosión en la aplicación de herramientas a gran escala para analizar perfiles de expresión en los sistemas biológicos. La capacidad de analizar cualitativa y cuantitativamente poblaciones de ARNm (transcriptómica) y proteínas (proteómica) suscita la tentadora posibilidad de descifrar las rutas reguladoras y funcionales que representan el puente entre el genotipo y el fenotipo.

En términos prácticos, el perfil transcripcional de un organismo se puede determinar usando micromatrices generadas a partir de ADNc u oligonucleótidos mediante tecnologías de miniaturización y automatización, lo que está masificando el estudio de todo el genoma y no sólo de unos pocos genes. Esta técnica ha avanzado tanto en los últimos años que es una realidad rutinaria en muchos laboratorios de biología vegetal, como lo prueba el que aparezcan cada vez más artículos científicos que recogen este tipo de enfoque experimental. La perspectiva transcriptómica es particularmente atractiva ya que el ARN es químicamente homogéneo y relativamente fácil de extraer, manipular *in vitro*, amplificar y secuenciar. Esto permite analizar cuantitativamente distintas situaciones fisiológicas, de desarrollo o en distinta localización tisular de muchos miles de productos génicos distintos

de forma simultánea, lo que representa un estudio amplio del transcriptoma.

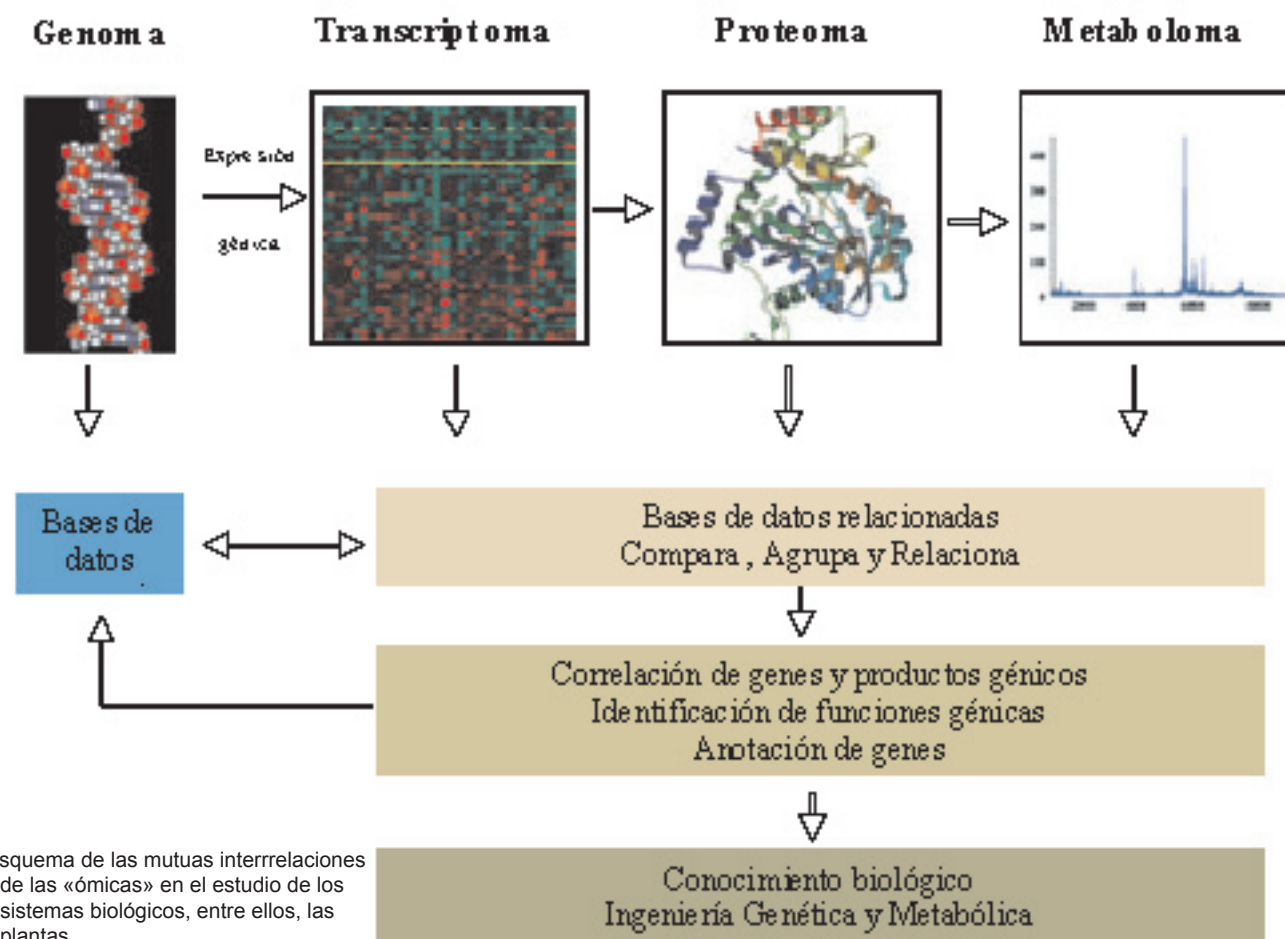
Una estrategia alternativa es abordar el siguiente eslabón en la cadena de información entre el genotipo y el fenotipo y evaluar el proteoma. El término proteómica se está convirtiendo en algo ambiguo que engloba casi cualquier aspecto de la expresión de proteínas, el estudio de su estructura o su función. Sin embargo, en términos generales, deberíamos definirlo como el estudio del perfil del conjunto de proteínas complementarias del genoma que sería análogo al perfil de transcritos en una situación dada. A diferencia de los estudios de transcriptómica en los que el ARN se extrae y manipula con facilidad, los estudios con proteínas presentan múltiples desafíos: su heterogeneidad fisicoquímica y complejidad estructural, lo que complica su extracción, solubilización, manejo, separación e identificación. Además, no existe ningún tipo de tecnología similar a la PCR que permita amplificar aquellas proteínas que son poco abundantes. Algunos de estos problemas son particularmente críticos cuando se trabaja con tejidos vegetales. Hay ya algunas bases de datos disponibles que contienen datos sobre perfiles de proteínas. La segunda categoría en el análisis de proteómica es la llamada proteómica comparativa, donde el objetivo no es ya identificar todas las proteínas presentes en una situación concreta, sino caracterizar las diferencias entre distintas poblaciones de proteínas en dos situaciones biológicas diferentes. Este tipo de enfoque es en cierta medida análogo a los perfiles comparativos de micromatrices de ADNc.

Aunque gran parte del esfuerzo en proteómica se ha realizado en la puesta a punto de métodos de alta resolución para separar e identificar proteínas, uno de los pasos críticos es la extracción y preparación de muestras. Los tejidos vegetales son usualmente más complicados a la hora de preparar extractos de proteínas que otras fuentes biológicas. Tienen menor contenido de proteínas, usualmente contienen más proteasas y otros compuestos que interfieren en la estabilidad de las proteínas — polisacáridos, lípidos y compuestos fenólicos —, además de toda una colección de metabolitos secundarios que pueden interferir no sólo en el proceso de extracción, sino también en el fraccionamiento y posterior análisis.

Debido a la cantidad y calidad de datos que la transcriptómica está generando, se han depositado muchas esperanzas en la obtención de datos de proteínas a gran escala. Sin embargo, y a pesar de los grandes progresos que se han realizado en proteómica de plantas, hay que tener en cuenta una serie de limitaciones teóricas y prácticas particularmente relativas al coste y al material muy especializado necesario para llevar a cabo este tipo de estudio.

Para acabar de complicar el panorama, algunos investigadores se han lanzado en pos de un nuevo objetivo: el metaboloma, un territorio poblado de enormes cantidades de pequeñas moléculas que gobiernan los seres vivos.

La metabolómica aparece como una nueva



Esquema de las mutuas interrelaciones de las «ómicas» en el estudio de los sistemas biológicos, entre ellos, las plantas

herramienta funcional de la genómica que contribuye a nuestra comprensión de las complejas interacciones moleculares en los sistemas vivos. Al ser una de las últimas «ómicas» aparecida, presenta todavía muchos campos metodológicos que se pueden y se deben mejorar antes de que aparezcan bases de datos que nos permitan integrar las concentraciones de metabolitos con el resto de recursos de la genómica. La metabolómica representa la progresión lógica desde los estudios a gran escala de micromatrices de ADNc y proteómica hasta el tratamiento en conjunto de un sistema biológico completo (sisteómica o biología de sistemas).

Los metabolitos de las plantas son importantes para muchas de las respuestas de resistencia al ataque de patógenos, en condiciones de estrés y contribuyen al color, sabor y olor de flores y frutos. El fenotipo bioquímico de una planta es el resultado de la interacción entre el genotipo y el entorno. Por tanto, se necesita identificar y cuantificar los metabolitos para estudiar la dinámica del metaboloma y analizar los flujos metabólicos. El reto de la metabolómica reside en encontrar cambios en las cantidades de metabolitos que se puedan correlacionar con el estado fisiológico y de desarrollo de una célula, de un tejido o de un organismo.

La enorme diversidad bioquímica que existe en las plantas hace que los metabolitos distintos que pueden encontrarse en plantas se estimen que sean más de

200 000. Esto hace que una aproximación en gran escala al estudio de los metabolitos presentes en las plantas sea un tremendo reto. La necesidad de utilizar tecnologías diversas para caracterizar los metabolitos presentes en plantas refleja el grado de complejidad para abordar este tipo de estudio. La deducción de cómo es el contexto biológico de una planta dada a partir de datos obtenidos por la medida de las concentraciones de metabolitos requiere, por tanto, que la identificación y cuantificación de los mismos se realice con gran fiabilidad. El puente necesario que debe existir entre la metabolómica y las otras aproximaciones de la genética funcional: transcriptómica y proteómica, permitirá el desarrollo de bases de datos que almacenen, integren, relacionen y permitan establecer relaciones causales entre genes, transcritos, proteínas y metabolitos.

Para obtener un conocimiento global de cómo funciona un sistema biológico es esencial saber cómo responde utilizando los tres niveles de expresión, lo que permitirá deducir asociaciones relevantes entre macromoléculas, identificar correlaciones funcionales con fenotipos y construir modelos que describan de forma cuantitativa la dinámica de un sistema biológico. Estos análisis fenotípicos a gran escala permitirán en un futuro predecir como será el comportamiento de una planta dada en un determinado contexto medioambiental.