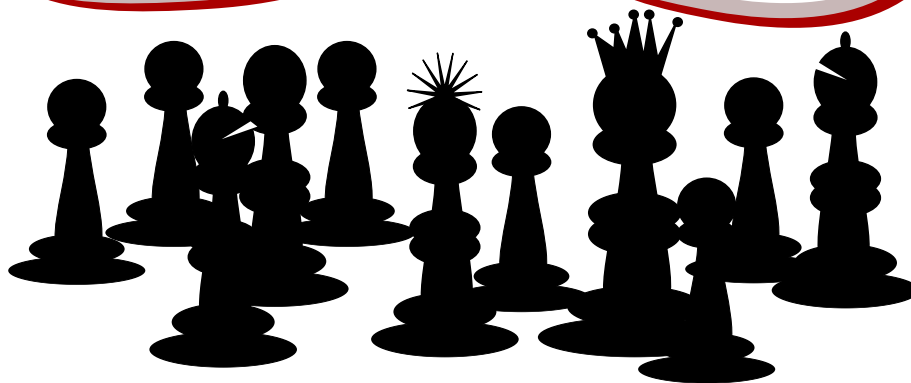


Encuentros en la **b**iología



Jóvenes científicos
Nueva sección

Presiones e impactos en el
medio ambiente

¿Transgénicos?
Encontronazos en la biología

ENCUENTROS EN LA BIOLOGÍA
Revista de divulgación científica
Indexada en *Dialnet*

Entidad editora:
Universidad de Málaga
EDITADA SIN FINANCIACIÓN INSTITUCIONAL, PÚBLICA NI
PRIVADA

Depósito legal: MA-1.133/94
ISSN (versión electrónica): 2254-0296
ISSN (versión impresa): 1134-8496

Periodicidad:
4 números ordinarios (trimestrales) y al menos
1 número extraordinario monográfico al año

Correspondencia a:
José M^a Blanco
Departamento de Ecología
Facultad de Ciencias
Universidad de Málaga
29071 - Málaga
encuentros_en_la_biologia@uma.es

EQUIPO EDITORIAL

COEDITORES

- José M^a Pérez Pomares
jmperezp@uma.es
Biología del desarrollo y
cardiovascular
*Coordinación general,
editoriales, entrevistas.*
- José M^a Blanco Martín
jmblanco@uma.es
Ecología
*Coordinación general,
editoriales, la imagen
comentada,
maquetación.*

COMITÉ EDITORIAL EJECUTIVO

- Ana Grande
agrande@uma.es
Genética-virología,
Patogénesis virales.
Rincón del doctorando.
- Antonio Diéguez
dieguez@uma.es
Filosofía de la ciencia
A debate, reseñaciones.
- Carmen González
carmen.glez@uma.es
Información y
documentación
Calidad y difusión.
- Enrique Moreno Ostos
quique@uma.es
Ecología y limnología
Encontronazos.
- Enrique Viguera
eviguera@uma.es
Genética y genómica

*Monográficos, eventos
especiales.*

- Francisco José Villena
francis.villena@icloud.com
Jóvenes científicos.
- Héctor Valverde Pareja
hvalverde@uma.es
Biología evolutiva
molecular
*Coordinación de
espacios web
Maquetación*
- José Carlos Dávila
davila@uma.es
Biología celular y
neurobiología
*¿Cómo funciona?
Maquetación*
- Juan A. García Ranea
ranea@uma.es
Bioinformática y
biología de sistemas
Modelos en biología.
- Juan Carlos Aledo
caledo@uma.es
Bioquímica y biología
molecular
*Energética de procesos
biológicos, vida y obra.*
- Juan Carlos Codina
jccodina@uma.es
Microbiología,
educación secundaria
Ciencias en el bachillerato.
- Luis Rodríguez Caso
caso@eelm.csic.es
Técnicas de laboratorio
Calidad y difusión.
- Miguel A. Medina
Torres
medina@uma.es

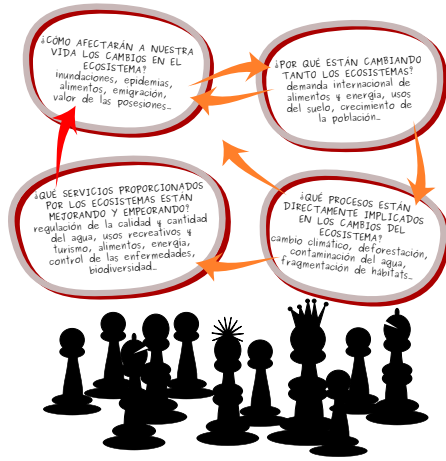
Biología molecular y de
sistemas, biofísica y
bioquímica
Monitor.

- Ramón Muñoz-Chápuli
chapuli@uma.es
Biología del desarrollo y
cardiovascular
*Coordinación de la
edición electrónica,
foros de la ciencia.*
- Raúl Montañez
Martínez
raulmm@gmail.com
Biología sintética y de
sistemas
Coordinación de diseño.

COMITÉ EDITORIAL ASOCIADO

- Alberto Martínez
almarvi@wanadoo.es
Educación ambiental y
para el empleo.
- Alejandro Pérez García
aperez@uma.es
Microbiología,
interacción
planta-patógeno.
- Alicia Rivera
arivera@uma.es
Neurobiología y
enfermedades
neurodegenerativas.
- Félix López Figueroa
felix_lopez@uma.es
Ecología y fotobiología,
cambio climático.
- Francisco Cánovas
canovas@uma.es
Fisiología molecular
- vegetal, bioquímica y
biología molecular.
- Jesús Olivero
jesusolivero@uma.es
Zoogeografía y
biodiversidad animal.
- Juan A. Pérez Claros
johnny@uma.es
Paleontología.
- Margarita Pérez Martín
marper@uma.es
Fisiología animal,
neurogénesis.
- M^a del Carmen Alonso
mdalonso@uma.es
Microbiología de aguas,
patología vírica de
peces.
- M^a Jesús García
Sánchez
mjgs@uma.es
Fisiología vegetal,
nutrición mineral.
- María Jesús Perlés
mjperles@uma.es
Geomorfología, riesgos
medioambientales.
- M. Gonzalo Claros
claros@uma.es
Bioquímica, biología
molecular y
bioinformática.
- Raquel Carmona
rcarmona@uma.es
Ecofisiología,
biorremediación.
- Salvador Guirado
guirado@uma.es
Biología celular,
neurobiología.

La portada



Los cambios en los ecosistemas no sólo tienen efecto sobre su estado, sino también sobre los servicios que proporcionan a la sociedad.

Página 97

Índice

Editorial	86
La imagen comentada	87
Monitor	88
Encontronazos: ¿transgénicos?	90
Presiones sobre el medio ambiente	97
Jóvenes científicos	103
Transferencia genética horizontal	106
Escribir bien no cuesta trabajo	109
El olivo: fuente de alérgenos	111
Encuentros con las novedades	115

Editorial

Olor a azahar, manga corta, días largos y el barbudo vendedor de *Investigación y Ciencia* en el pasillo siempre ha sido la secuencia que nos anunciaba el fin de curso durante las últimas décadas en nuestra querida facultad. Este año de extraña climatología nos precipita hacia el verano saltándose el último paso: ¡cómo hemos echado de menos la epifanía del estoico paladín de la decana de la divulgación científica, que atendía con el mismo interés a alumnos que a catedráticos! ¿La revista ya no cala entre los *nativos digitales*? ¿El papel ha caducado? Puede que sea una prueba más del trasvase en la forma de comunicar ciencia; hay que reconocer que internet ha cambiado radicalmente el acceso a las publicaciones. Muchas revistas importantes (mejorando lo presente) sólo dan acceso virtual porque la demanda impresa es más lenta y cara, además de que limita el volumen de información que se puede ofrecer. Parece que todo son ventajas. Aprovechemos el nuevo medio. Después de la imprenta, internet parece el siguiente salto cualitativo en la dispersión de la cultura. No hay que temer esta nueva *vulgarización* del medio, aunque hay que controlarla, claro. Ahora todo es más inmediato, más

barato, más rápido, pero ello no debe comprometer la deontología de las publicaciones. Tenemos nuevas herramientas y mejores mensajeros, pero los criterios deben ser los mismos. Esta labor sólo tiene futuro de forma coordinada, debemos aprovechar la facilidad de comunicación actual en beneficio del trabajo colectivo.

Por ello nos alegramos de dar la bienvenida a Francisco José Villena, un entusiasta alumno de primer curso de biología, que nos ofrece una singular entrevista con dos futuros doctores con la que inaugura una nueva sección a su cargo con la ayuda de Ana Grande: *Jóvenes científicos* ¡El movimiento se demuestra andando!

En este 158 estival no solo tenemos juventud (hay cuatro contribuciones de estudiantes), también disfrutará de un *encontronazo* entre bregados científicos que han aceptado el reto de los transgénicos, de una visión ecosistémica de los problemas ambientales y de *electrizantes* secciones. Anímese y envíenos la suya para el 159.

(Claro que... ¡a lo mejor se ha jubilado!)

La imagen comentada



EL CANTO SILENCIADO DE LOS ANFIBIOS

Los anfibios desempeñan un papel relevante en los ecosistemas debido a su peculiar forma de vida entre la tierra y el agua y a la posición que ocupan en las redes tróficas en sus distintas fases vitales. Su estrecha dependencia de la calidad del hábitat y su gran vulnerabilidad a las perturbaciones, que los expone a un inminente peligro de extinción a escala global y local, los destaca tristemente como el grupo de vertebrados terrestres más amenazados. Sin duda alguna, el factor antrópico es el principal responsable del rápido declive que las poblaciones de anfibios están experimentando en todo el mundo. La destrucción y fragmentación de sus hábitats (deseccación y aislamiento de zonas húmedas, introducción de nuevas tecnologías en agricultura y ganadería que sustituyen a las técnicas tradicionales, deforestación, construcción de infraestructuras, urbanización etc.), la eutrofización, salinización y contaminación de las masas de agua donde residen y se reproducen, el incremento de los niveles de radiación UV, la introducción de especies exóticas, o la expansión de enfermedades mortales (como la quitridiomycosis, que merma las poblaciones a escala global), entre otros factores, impulsan la extinción silenciosa de los anfibios en el Antropoceno. Es urgente revertir esta dramática situación. Afortunadamente, las medidas de recuperación de las poblaciones de anfibios

no necesitan intervenciones complejas ni costosas en el medio natural; se deben centrar fundamentalmente en la recuperación de sus hábitats tradicionales, en la adecuación de nuevos lugares para su desarrollo y, finalmente, en la prevención de la expansión de enfermedades emergentes. Además, se ha comprobado que los hábitats preferidos por los anfibios no son grandes lagunas difíciles de gestionar, sino pequeños puntos de agua en ambientes relativamente poco perturbados como charcas, manantiales, fuentes tradicionales, estanques, albercas o acequias naturalizadas. Resulta fundamental preservar estas pequeñas masas de agua, reducir las perturbaciones hidroquímicas que reciben, fomentar la heterogeneidad del hábitat y promover la conectividad entre las poblaciones. Con el compromiso adecuado de las administraciones competentes en conservación y la imprescindible concienciación y participación ciudadana podemos conseguir que en nuestras charcas se vuelva a escuchar el canto de los anfibios.

Rosana Victoria Molero Martín (estudiante del máster en agrobiotecnología, Universidad de Salamanca).

José Carlos Atienza Fuerte (naturalista).

Enrique Moreno-Ostos (profesor de ecología, Universidad de Málaga).

Monitor

Veinte años de *Nature Biotechnology*:

Para celebrar su vigésimo aniversario, la revista *Nature Biotechnology*, perteneciente al grupo editorial *Nature*, ha dedicado una sección especial en su número de marzo de 2016. Esta sección de celebración comienza con un editorial titulado «*Breaking out of the bubble*», al que sigue un comentario sobre el impacto económico de las empresas biotecnológicas en Estados Unidos y continúa con un repaso sistemático de las aportaciones publicadas en la revista a través de 3 *Feature articles* titulados «*20 years of Nature Biotechnology research tools*», «*20 years of Nature Biotechnology biomedical research*» y «*20 years of Nature Biotechnology bioengineering research*». En la sección *Voices of biotech*, los editores de la revista piden a una selección de investigadores que señalen cuáles son las más excitantes fronteras en su campo y cuáles son las nuevas tecnologías más demandadas para avanzar en el conocimiento y en el desarrollo de aplicaciones. Por su parte, en la sección *Community crystal gazing*, varios profesionales de la biotecnología ofrecen sus puntos de vista acerca de los retos a los que se habrá de enfrentar el sector en los próximos años. El artículo especial titulado «*When biotech goes bad*» da un repaso a la cara oscura de la biotecnología de los 20 años pasados. El último artículo está dedicado al tema de las patentes, comentando *The changing life science patent landscape*.

Veinte años de *Cancer Research*: La *American Association for Cancer Research* publica 8 de las revistas científicas más influyentes dentro del campo de la oncología experimental, traslacional y clínica. La más veterana de ellas es *Cancer Research*, que durante 2016 está publicando sus números quincenales que constituyen el volumen 76 de la colección. Eso quiere decir que al término de 2015 se cumplieron 75 años de publicación ininterrumpida de investigación oncológica de primera línea. Para celebrar esta efeméride el grupo editorial ha puesto en funcionamiento una sección especial online con el título *75th Anniversary Celebration*. Este espacio consta de varias secciones: *Timeline*, *Influential Articles*, *Nobel Laureates*, *Highly Cited Authors* y *Milestones*. *Timeline* es un desplegable gráfico que recorre los principales hitos en la historia de los primeros 75 años de la revista. En *Influential Articles* se recoge una selección de artículos publicados desde 1941 de gran repercusión e influencia tanto en el momento de su publicación como en la actualidad. Durante el año, cada nuevo número de la revista contendrá un comentario sobre uno de estos artículos. *Nobel Laureates* recoge una selección

de autores que publicaron en la revista y que fueron merecedores del Premio Nobel. Se recogen enlaces a sus biografías y a artículos destacados de cada uno de ellos publicados en *Cancer Research*: La nómina incluye a los nobeles Michael Bishop, Elizabeth Blackburn (presidenta de la AACR en 2010-11), Günter Blobel, Baruch Blumberg, Sydney Brenner, Mario Capecchi, Albert Claude, Vincent du Vigneaud, Renato Dulbecco, Gertrude Elion (presidenta de la AACR en 1983-84), Martin Evans, Andrew Fire, Carol Greider, Leland Hartwell, George Hitchings, Robert Horvitz, Charls Huggins (presidente de la AACR en 1948-49), Paul Nurse, Linus Pauling, Peyton Rous, Phillip Sharp, George Snell, Howard Temin, Donnal Thomas, Roger Tsien, Harold Varmus y Harald zur Hausen. Los nombres recogidos en la sección *Highly Cited Authors* incluyen a José Baselga (actual presidente de la AACR, en el periodo 2015-16), Stephen Baylin, Isaac Berenblum, June Biedler, John Bittner, Roswell Boutwell, Elisabeth Buchdunger, Nancy Bucher, Harris Busch, Abraham Cantarow, Paul Carbone, Susan Cole, Allan Conney, Carlo Croce, Maynie Curtis, Nancy Davidson, Vincent Devita, Gabriela Dontu, Brian Druker, Wilhelmina Dunning, Emmanuel Farber, Isaiah Fidler, Judah Folkman, Joseph Fraumeni, Emil Frei, Jacob Furth, William Gardner, Theodore Hauschka, Charles Heidelberger, Rakesh Jain, Peter Jones, Henry Kaplan, Kenneth Kinzler, Eva Klein, George Klein, Lance Liotta, Clarence Little, Lawrence Loeb, John Mendelsohn, Elizabeth Miller, Mames Miller, Harold Moses, Gerald Mueller, Peter Nowell, Lloyd Old, Van Potter, Steven Rosenberg, Harold Rusch, Regina Scoental, David Sidransky, Howard Skipper, Michael Sporn, Takeshi Sugimura, Albert Tannenbaum, Craig Thompson, Helena Toolan, Alex Ullrich, Bert Vogelstein, Lee Wattenberg, Robert Weinberg, Bernard Weinstein y Max Wicha. Finalmente, *Milestones* ofrece un gráfico con la evolución del *Impact Factor* y del número total de citas de la revista, así como una serie de datos bibliométricos. El primer ejemplar se editó el 1 de enero de 1941. En estos 75 años, la revista ha publicado alrededor de cincuenta mil artículos. De acuerdo con *Science Journal Citation Report 2014*, la revista se sitúa en posición undécima por su factor de impacto entre 211 revistas dentro de la categoría «*oncology*» y ha acumulado más de 140 000 citas.

Ciento cincuenta años de las leyes de Mendel: En febrero de 1865 el monje agustino Gregor Mendel presentó su hoy día famoso estudio sobre «Experimentos en plantas híbridas» en una reunión de la Sociedad de

Investigación de la Naturaleza en Brno, Moravia (hoy República Checa). Su conferencia fue publicada un año después en la revista de dicha sociedad. Aunque prácticamente ignorados durante años, el «redescubrimiento» de los trabajos de Mendel posibilitó su identificación como estudios fundacionales de la Genética. Durante 2015 y 2016 esta efeméride se está celebrando de diversas formas por todo el mundo. Aquí se apuntan algunas de ellas.

El 8 de marzo de 2015 se inauguró el *Mendelianum Centre of the Moravian Museum*.

También desde Brno, con el apoyo de la *Masaryk University* y la UNESCO, se ha puesto en funcionamiento el espacio web *Mendel's legacy-150 years of the genius of genetics*.

El grupo editorial *Nature* ha editado un *Nature Collections: 150 Years of Mendel*, cuya versión pdf de

141 páginas comercializa a través del espacio web de *Scientific American*.

El 15 de agosto de 2015 la revista *Genome* del grupo editorial *NRC Research Press* publicó la versión electrónica del artículo *Limits of imagination: the 150th Anniversary of Mendel's Laws, and why Mendel failed to see the importance of his discovery for Darwin's theory of evolution*, firmado por Rama Singh y libremente disponible.

Todo lo anterior es interesante y está bien para honrar la memoria de Mendel. Pero, ¿qué mejor forma de celebrar la efeméride que leer el trabajo original? La traducción al inglés aportada en 1996 por *Electronic Scholarly Publishing Project* y libremente disponible nos facilita la labor, aunque la misma organización también nos facilita acceso a la versión original publicada en alemán.

MIGUEL ÁNGEL MEDINA

eb



Estatua de Gregor Mendel en el jardín del convento de Brno donde hacía sus experimentos.
Créditos de la fotografía



Encontronazos en la Biología: ¿transgénicos?

Para hablar de este asunto tan importante como delicado, donde la biología tiene la palabra compartida con otras disciplinas y condicionantes humanas, tenemos la suerte de contar con la opinión razonada de dos compañeros de la Facultad de Ciencias que abren un debate necesario. Es un lujo leer argumentos que han madurado en el seno de un centro científico, repletos de dialéctica limpia y alejada de la demagogia. Seguramente su opinión (la del lector) salga consolidada después de leer este duelo entre caballeros de la ciencia. (El orden en que aparecen los textos y las mariquitas se ha establecido al azar y de modo independiente).

LOS ORGANISMOS TRANSGÉNICOS, «OVEJA NEGRA» DE LA BIOTECNOLOGÍA

No hay duda de que buena parte de la mala fama que tiene la biotecnología en algunos sectores de la sociedad se debe a los organismos transgénicos. Pero lo que la mayoría de las personas desconocen es que el proceso que define estos «productos modernos» creados en el laboratorio, como *organismos que contienen un fragmento de ADN que proviene de otro organismo*, es un fenómeno que ocurre de manera frecuente en la naturaleza conocido como *transferencia horizontal de información genética*. En el mundo bacteriano este tipo de transferencia es muy frecuente, jugando un papel esencial en la evolución de estos microorganismos y siendo responsable entre otros fenómenos del desarrollo de virulencia y resistencia a antibióticos.

Aunque durante mucho tiempo se ha asumido que la importancia de este tipo de fenómenos en organismos eucarióticos es limitada, la secuenciación masiva y el análisis comparativo de los genomas que se ha producido en los últimos años, nos han permitido identificar que estos procesos de transferencia horizontal también se producen en organismos con núcleo. Incongruencias evolutivas en la que se ha detectado la presencia de genes muy similares en organismos muy separados filogenéticamente, indican que se ha producido transferencia de material genético entre organismos de distintos géneros, familias incluso reinos. Estos estudios han mostrado, por ejemplo, que las bacterias y los organismos eucarióticos han intercambiado genes a lo largo de la evolución y que muchos de estos intercambios han conllevado

la adquisición de nuevas características en los organismos receptores^[1,2]. Así, se ha descrito transferencia horizontal de genes de bacterias a insectos, esponjas, nematodos, crustáceos, humanos, etc. El análisis del genoma humano ha demostrado que en su genoma existen genes que sólo compartimos con las bacterias^[3,4] entre ellos genes mitocondriales de *Trypanosoma cruzi*, el patógeno que causa la enfermedad de Chagas^[5]. Aunque menos frecuentes, también se han identificado fenómenos de transferencia de genes desde organismos eucarióticos a bacterias, como es el caso de *Legionella pneumophila* cuyo genoma contiene más de 100 proteínas similares a proteínas de eucariotas^[6]. Además de estas transferencias entre procariotas y eucariotas, existen ejemplos de intercambio de material hereditario entre organismos eucariotas. Se han identificado genes que codifican para una proteína que protege de la congelación y que se han transferido entre distintas especies de peces^[7] o genes implicados en la síntesis de carotenoides de hongos que se han integrado en el genoma de áfidos^[8].

La transgenia es pues un *proceso natural* que ha jugado un papel esencial en la evolución de los organismos vivos. El ser humano, como ha ocurrido en numerosas ocasiones, copiando a la naturaleza y mejorando la eficiencia del proceso, ha desarrollado una potente herramienta tanto para la investigación como para la mejora del medio ambiente, la producción de alimentos, la medicina, etc.

Curiosamente, mientras que la aplicación de la transgenia para la producción de medicamentos como la

insulina se ha ido implementando en el mercado y su utilización no es objeto de ninguna crítica, no ocurre lo mismo con el uso de esta tecnología en agricultura o ganadería. Existe un movimiento social, que ha calado muy fuertemente en la opinión pública especialmente de los países europeos, que identifica el empleo de organismos transgénicos con «terribles» efectos dañinos para el medio ambiente y para la salud humana y animal. Sin embargo, y a pesar de las numerosas campañas en su contra, tras 30 años de uso no se ha encontrado ninguna prueba de que los alimentos modificados genéticamente tengan un impacto negativo para la salud. Tampoco se han hallado pruebas concluyentes de que provoquen problemas medioambientales.

Lejos de esta interpretación negativa basada en argumentos sociopolíticos con muy poco o nulo apoyo científico, la realidad es otra. Desde que el ser humano comenzó a dedicarse a la agricultura y a la ganadería, se han creado transgénicos *a lo bruto*, mediante el cruce de especies o maltratando el ADN de estos seres vivos con productos químicos. La mayor parte de los alimentos vegetales «no transgénicos» que hoy encontramos en los supermercados son el fruto de esa manipulación genética realizada por el ser humano mediante hibridación o mutagénesis. Así por ejemplo, la zanahoria silvestre no es naranja sino negra. El color que hoy consideramos natural y saludable parece ser consecuencia de experimentos de hibridación realizados en el siglo XVIII en honor la Casa de Orange para celebrar el éxito de la revuelta de los holandeses contra el dominio español. De forma similar, el color de los tomates silvestres no es rojo, como todos asumimos, sino amarillo del que proviene su nombre en Italia donde se les denomina *pomodoro* (manzana de oro). La coloración roja es consecuencia de la manipulación genética realizada por el ser humano mediante cruzamientos. Otro ejemplo clásico de alimentos no naturales es el trigo, una de las plantas de mayor consumo mundial. Esta especie vegetal no existe como especie silvestre ya que surge por la hibridación de tres especies diferentes.

El desarrollo de la transgenia en las últimas décadas, permite que la mejora genética que el hombre lleva haciendo más de 10 000 años sea mucho más refinada y segura. Las posturas en contra del uso de los organismos transgénicos, que no se apoyan en razones científicas o técnicas, sino en posicionamientos políticos o filosóficos, están bloqueando el uso de esta tecnología como solución para problemas de gran importancia para la alimentación humana o el medio ambiente. Sirva de ejemplo el desarrollo del trigo para celíacos, realizado por investigadores del CSIC, o del arroz dorado, un producto transgénico que acumula betacaroteno y cuya implementación serviría para combatir los efectos de las carencias de vitamina A en la alimentación

de millones de personas principalmente en Asia. Otro ejemplo muy reciente de las incongruencias que genera este movimiento anti-transgénico, basado en el miedo y la identificación de esta tecnología con los intereses empresariales, lo tenemos en lo acaecido recientemente en Zimbabwe. Alrededor de doce mil niños al año mueren de hambre en este país azotado por una de las peores sequías de su historia. Esta situación ha llevado al gobierno a solicitar ayuda e importar alimentos en grandes cantidades. Sorprendentemente y a pesar de esta situación, el sátrapa que hoy gobierna este país africano ha negado la entrada de maíz transgénico como ayuda humanitaria, argumentando que sus ciudadanos no serían «conejillos de indias».

De hecho, los alimentos transgénicos son los alimentos más seguros que el ser humano ha tenido a su disposición ya que son los más evaluados de la historia de la humanidad. Uno de los motivos por los que puede no autorizarse un cultivo transgénico es que haya en la zona especies silvestres con las que puedan hibridar. La paradoja es que se siembran cultivos no transgénicos sin que se realicen ninguna prueba sobre su impacto, lo que puede causar importantes problemas ambientales que a nadie parece preocuparle. Así por ejemplo, recientemente se ha comercializado en Europa una variedad de césped para campos de golf no transgénica y resistente a glifosato, como el maíz transgénico que se siembra en Estados Unidos y cuyo uso no está autorizado en Europa por ser transgénico. La nueva variedad de césped, que tiene exactamente las mismas características de resistencia que el maíz transgénico, se siembra libremente, con un problema añadido: esta variedad de césped puede hibridar con especies silvestres.

Los transgénicos, que no son en ningún caso la solución para todo, son sin embargo herramientas que nos permiten alcanzar resultados que no obtendríamos con las tecnologías de hibridación o mutagénesis utilizadas en la mejora genética clásica. Un ejemplo de las posibilidades que abre este tipo de tecnología es la investigación, que financiada por la fundación Bill Gates, lleva a cabo el Dr. Luis Manuel Rubio del Centro de Biotecnología y Genética de Plantas en Madrid. Rubio lidera un proyecto para obtener variedades maíz y arroz que apenas requieran el uso de fertilizantes nitrogenados al ser capaces de utilizar el nitrógeno de la atmósfera. La implementación de estas variedades transgénicas lograría reducir la contaminación de suelos y recursos hídricos al disminuir el uso de fertilizantes y permitiría en países con recursos económicos limitados del África subsahariana y el sudeste asiático incrementar la producción de estas dos cosechas, ya que el precio de los fertilizantes nitrogenados es prohibitivo para los pequeños agricultores de estas zonas, condenándolos periódicamente al hambre.

Desde un punto de vista científico y técnico no existen razones para renunciar a las mejoras que puede introducir esta tecnología. Hacerlo sería como renunciar a un teléfono móvil, a internet, a la energía eléctrica, a la medicina moderna, etc. Muchos ciudadanos de las sociedades occidentales que apuestan hoy por la producción «ecológica» como una vuelta a la agricultura «natural» tendrían que considerar que este tipo de prácticas agrícolas, llevado a su extremo, es una renuncia a la tecnología. Y sin embargo ha sido y es la tecnología la que nos permite alimentarnos mucho mejor de lo que lo hacían nuestros antepasados. El respeto al medio ambiente no sólo es compatible con la implementación de las nuevas tecnologías sino que, sin ellas, estamos abocados al hambre o al desastre ambiental. Existen demasiados estereotipos que dañan interesadamente el empleo de nuevas tecnologías como la transgenia para la producción de alimentos, como por ejemplo la asociación que se hace entre esta tecnología y los intereses económicos de las multinacionales. Países tan poco sospechosos de estar aliados con estas empresas como Cuba han apostado en los últimos años por la biotecnología aplicada en la agricultura. Considerar que los transgénicos son el monopolio de unas pocas empre-

sas es además un insulto a todos los investigadores del sistema público.

El futuro de la producción agrícola pasa por la mejora en la producción y la reducción de su impacto sobre el medio ambiente. Para ello es necesario implementar técnicas y herramientas que favorezcan la sostenibilidad de esta actividad, en las que manteniendo o mejorando la cantidad y calidad de los productos, se disminuya el impacto sobre el medio ambiente mejorando el uso de recursos energéticos e hídricos y evitando la contaminación química de suelos y acuíferos que produce el uso de herbicidas o plaguicidas. En este sentido, la transgenia puede servir de ayuda y complemento a otras medidas generando una agricultura más sostenible. El rechazo irracional a los organismos modificados genéticamente es elitista y conservador. Como afirmó Norman Borlaug, el padre de la revolución verde que permitió aumentar la producción agrícola a mediados del siglo pasado, «[...]la mayor parte de las críticas a esta tecnología proceden de los sectores más privilegiados, los que viven en la comodidad de las sociedades occidentales, los que no han conocido de cerca el hambre».

EDUARDO RODRÍGUEZ BEJARANO
es catedrático de genética en la UMA.



PLANTAS TRANSGÉNICAS Y AGRICULTURA, UNA VISIÓN CRÍTICA

Cuando desde *Encuentros en la Biología* se me propuso participar en esta sección de «Encontronzos...» con el tema sobre *Plantas transgénicas y agricultura* desde una perspectiva crítica, no creo que se conociera que en mayo de 2016 se iba a publicar el informe del *National Research Council* (NRC) estadounidense titulado «*Genetically Engineered Crops: Experiences and Prospects*». Trescientas ochenta y ocho páginas en la versión electrónica que lógicamente no he podido leer, una a una, antes de completar la escritura de este artículo. De ellas se hizo eco el diario *El País* el pasado 17 de mayo con el titular «La ciencia confirma que los transgénicos son igual de sanos que el resto de alimentos». A este lado del Atlántico, un grupo de 300 académicos de muy diversas disciplinas y nacionalidades manifestaron, hace unos tres años, y publicaron en 2015^[9] que «(there is) no scientific consensus on GMO safety». Creo que también merece la pena echar un vistazo a la postura crítica y constructiva que tiene la *Union of Concerned Scientist*^[10], muchos de los cuales viven en EEUU, el país con más millones de hectáreas de cultivos transgénicos.

Las quejas de sesgo en las posturas y de apriorismos se manifiestan tanto del lado de los que están a favor, como de los que se oponen al uso de plantas transgénicas en agricultura. De hecho, una de las críticas que ha recibido el informe recién publicado es que cita muchos trabajos realizados por distintas industrias y financiados finalmente por la empresa Monsanto. Así como que el comité de expertos no estuvo suficientemente equilibrado, ni exento de conflictos de intereses incluyendo la existencia de puertas giratorias entre las compañías biotecnológicas y la plantilla del NRC. No obstante, el informe supone un extenso esfuerzo de revisión de literatura y proporciona reflexiones y recomendaciones interesantes, eso sí, circunscritas mayoritariamente al empleo de esta tecnología en Estados Unidos. Como otros informes del NRC, el documento incluye varias secciones, entre las que destaco tres que definen campos de discusión que seguro vamos a comentar en los dos artículos que componen esta sección de *Encuentros en la Biología*:

- La dedicada a los efectos de los organismos modificados genéticamente (OMG) en agricultura y medio ambiente.

- La dedicada a los efectos en salud humana, con la problemática del glifosato como agente cancerígeno de por medio.
- La que se refiere a los efectos sociales y económicos del uso de los OMG en la producción de alimentos.

Por mi parte, me voy a centrar en las cuestiones primera y tercera, defenderé la tesis de que el uso de los OMG en agricultura se ha convertido en un elemento más de los modos de producción agrícola que suponen un problema para la sostenibilidad socio-ambiental, y de que los derechos de propiedad intelectual que se aplican sobre estos organismos modificados suponen también una limitación al uso y gestión de recursos naturales necesarios para la producción de alimentos. Además, al leer las conclusiones del informe NRC mencionado (página 341) se evidencia la importancia que tienen en este debate los marcos normativos a los que también haré mención. Sin olvidar que estos marcos normativos surgen de la aplicación de distintas políticas nacionales e internacionales, en ocasiones, no sujetas a control ciudadano. En especial, aquellas políticas relacionadas con la existencia y aplicación de tratados de libre comercio, como el que se está negociando ahora entre Europa y Estados Unidos (TTIP), o el tratado de libre comercio de América del Norte que ha tenido graves efectos negativos para los agricultores mejicanos con el maíz estadounidense de por medio. Resulta por tanto evidente que el debate sobre el papel de las plantas transgénicas en agricultura trasciende ampliamente el marco de las disciplinas biológicas y así lo afronto en las líneas que siguen.

La ciencia es un sistema poderoso de generación de conocimiento del que derivan tanto productos como servicios tecnológicos pero no es neutral, entre otras causas porque no lo es su financiación, ni las reglas que operan en la comercialización de sus derivados, o la aplicación de derechos de propiedad intelectual, como las patentes. Tampoco sus recomendaciones son las que necesariamente rigen por encima de las reglas de mercado que operan en la agricultura y la producción de alimentos que van, además, desde lo local a lo global, pasando por lo regional.

Desde que empecé a trabajar hace más de 20 años con esta tecnología y su puesta a punto en fresa y tomate, mi posicionamiento frente al uso de las plantas transgénicas en agricultura ha pasado de sustentarse en primar el principio de precaución y la contextualización de cada caso a la crítica de lo que supone su cultivo.

Este cambio de postura se ha debido principalmente a que durante este tiempo he podido ver cómo se ha implementado su uso, los efectos socio-ambientales que ha conllevado y a quienes beneficia económicamente. La producción agrícola con plantas transgénicas está

fuertemente sesgada hacia un modelo de producción agrícola industrial regido por un mercado global donde los productos agrícolas y sus transformaciones primarias viajan miles de kilómetros desde sus lugares de producción a sus lugares de consumo, lo que no es muy sostenible por la huella de carbono, cuyo coste económico y ambiental no computa pero pagamos todos. Son las especies con grandes superficies de cultivo a nivel mundial y dependientes de gran cantidad de insumos, en muchos casos monocultivos, las que tienen más valor de mercado para el desarrollo de semillas transgénicas, lo que no es muy sostenible. Esta situación se puede comprender porque se estima que la inversión necesaria para poner una planta transgénica en cultivo comercial supone 136 millones de dólares y unos 13 años, datos para el periodo de introducción comprendido entre 2008 y 2012 ([gmoanswers](#)).

Son varios los cultivos transgénicos que llevan tiempo en producción, sirva como ejemplo el cultivo de la soja. Los principales productores de este cultivo, considerado paradójicamente el oro verde, son EEUU, Brasil y Argentina y el porcentaje de plantación proveniente de semilla transgénica es del 90 % o superior. El 75 % de la producción mundial se dedica al forraje animal, a pesar que se sabe que las dietas basadas en ingestas de proteína animal no son muy sostenibles por la huella hídrica y el uso de suelo requerido por caloría consumida. Este modelo está favoreciendo la destrucción de grandes superficies del Bosque Atlántico y de la Amazonía brasileña y ha dado lugar a lo que en Argentina se conoce como la «Sojización del Agro Pampeano». La intensificación de su cultivo ha producido deterioro de suelos, disminución de la cantidad y calidad del agua y efectos negativos evidentes en biodiversidad. Ninguno de estos efectos puede ser considerado muy sostenible. Han aparecido malezas resistentes al glifosato y ahora se han desarrollado variedades transgénicas con resistencias a más de un herbicida. Usar dos herbicidas es menos sostenible que uno. Por cierto, esa unicidad era una de las razones que justificaba la primera generación de soja transgénica junto a la discutida benignidad del glifosato en comparación con otros herbicidas más tóxicos.

Sin embargo, en el informe de 2014 sobre la *Situación mundial de los cultivos biotecnológicos/GM comercializados del International Service for the Acquisition of Agri-biotech Applications (ISAAA)*^[11] las conclusiones que extraen del análisis de estos aspectos son bien distintas y positivas. En su conjunto responden, más o menos, al siguiente argumento: el cultivar plantas transgénicas es más sostenible ya que al ser su rendimiento medio por superficie mayor, el cultivo requiere menor superficie de suelo, se usa y deteriora menos agua, se afecta negativamente menos la biodiversidad y

se usan menos insumos que si se produjese un cantidad similar de cosecha con agricultura convencional. Así, según este punto de vista, estos cultivos contribuyen a una intensificación sostenible que salva bosques y conserva la biodiversidad.

Aún asumiendo que fuese así en todos los casos, lo que es discutible, y compartiendo que la sostenibilidad es un proceso y no un fin, es la evidencia de que la industria que opera con los OGM no está realmente interesada en resolver las causas del problema alimentario que afrontamos por el crecimiento de la población, ni tampoco en la sostenibilidad ambiental y social de la agricultura, sino en demostrar cómo sus productos (las semillas híbridas y transgénicas más los insumos asociados) son *menos malos* que lo que hay y podemos así seguir haciendo lo mismo ocasionando menos daño. Por cierto, también estas industrias comercializan en buena medida los productos y semillas de la agricultura convencional química.

Si pasamos a considerar cuestiones socioeconómicas, y siguiendo con el caso de la soja, se constata que las explotaciones dedicadas a su producción, en Norte y Sudamérica, son mayoritariamente de escala industrial. Lo que propicia una concentración de la tierra en menos manos. Esto ha desplazado a los pequeños y medianos propietarios, que trabajan extensiones de tierra por debajo de las 100 hectáreas, en favor de los que disponen de más de 1000. En relación al empleo, en algunas regiones argentinas se ha estimado que la conversión a la soja ha destruido cuatro de cada cinco trabajos agrícolas (para ampliar ver informe del 2014 de WWF *El crecimiento de la soja, impacto y soluciones* y citas en él contenidas).

Llegados a este punto, alguien pensará que los transgénicos no son el principal problema, lo son quienes ostentan el control de su uso y hacen negocios con los OGM. Sí, admitir esto es un primer paso. El siguiente paso es constatar la dificultad para disociar ambos factores, entre otras razones por el poder del oligopolio que concentra la producción de material vegetal de reproducción, por el sistema de patentes que rige y controla la industria biotecnológica y por los diferentes tratados comerciales firmados al amparo del proceso de globalización desde los 90 del siglo pasado hasta la actualidad por nuestros gobernantes. Si yo decidiera por mi cuenta y riesgo poner a libre disposición del mundo plántones de fresas transgénicas con frutos de textura mejorada sería muy improbable que lo consiguiera. La razón es que he empleado para desarrollar el *producto* ideas, métodos y materiales que otros han patentado internacionalmente y que, aunque pueda investigar y publicar en el tema, si mi desarrollo pretendiera entrar en producción entonces aparecerá la reclamación de los derechos de propiedad. Tendría que negociar y pagar a

obtentores de varias patentes, desde las metodológicas hasta las que tienen que ver con el empleo de los genes. Estos últimos tienen patentados el uso de todas sus aplicaciones prácticas conocidas.

Voy a dar un tercer paso argumental que tiene que ver con las diversas concepciones sobre cuál es la naturaleza de nuestras semillas cultivadas. Me preocupa el hecho de que se haya permitido patentar semillas como si fueran un invento, una nueva máquina. Las semillas cultivadas, además de seres vivos, son un recurso renovable, como el agua y el suelo. Los tres son imprescindibles para la producción de alimentos. Desde el punto de vista de su gestión, las semillas cultivadas encajan en la categoría de los bienes comunes, tal como se refiere a ellos la premio Nobel de Economía 2009, Elinor Ostrom. No son ni del estado ni del mercado, su custodia es de las personas que han sido, son y serán. Tienen en común con el agua, que son un recurso que fluye en el tiempo y en el espacio. En el caso de las semillas agrícolas, algunas cultivadas miles de años por generaciones de campesinos, la diversidad de especies y variedades disponibles ha resultado de las decisiones de los agricultores al seleccionar semillas para el siguiente cultivo, además de cruces genéticos fortuitos, de los procesos de adaptación de los cultivos a manejos y condiciones ambientales locales, intercambios, etc. Esta agro-biodiversidad está en grave peligro por un efecto colateral de la revolución verde del siglo pasado, que concentró sus esfuerzos en muy pocos cultivos y variedades que desplazaron muchas especies y variedades tradicionales al ser menos productivas cuando los insumos no son limitantes o por no tener mercado suficiente.

No parece que una agricultura biotecnológica con empresas que defienden que las semillas son suyas y sólo suyas por el mero hecho de haber implementado una mejora biotecnológica en variedades o cruces de variedades previamente existentes, ya mejoradas para otros caracteres, contribuya a frenar esta erosión genética. De hecho, la puede acelerar y sonroja el hecho de que los agricultores puedan ser perseguidos legalmente si usan estas semillas más de una cosecha al incumplir los **compromisos contractuales** que se ven obligados a firmar para adquirirlas. Semejante actitud empresarial pone de manifiesto que estas multinacionales ven a las semillas, transgénicas o no, principalmente como un producto de un solo uso que hay que volver a comprar cosecha tras cosecha, exactamente lo mismo que el glifosato. Algo que está en profunda contradicción con la propia naturaleza biológica de las semillas y con el derecho de las personas de acceder a los recursos naturales. Cobrar regalías durante un tiempo razonable por un desarrollo tecnológico que suponga una mejora de unas semillas cultivadas, lo que sería pagar por ese servicio, es algo

que entiendo y me parece ajustado. Sin embargo, permitir la patente de semillas es propiciar que una entidad privada con ánimo de lucro se apropie de un bien común al que tenemos derecho de acceso y custodia todos. Estas patentes de semillas transgénicas son un precedente negativo, que junto a la comercialización de híbridos y la promoción de marcos normativos que limitan el uso comercial de la auto-producción de semillas, van en la dirección de traspasar a las manos de unas pocas empresas el control de este recurso estratégico del que depende la alimentación presente y futura.

La tercera revolución verde de la que nos escribió el profesor García Olmedo a finales del siglo XX ha potenciado los defectos de la segunda revolución que se desarrolló en la segunda mitad del siglo XX. No ha contribuido a cambiar unos cultivos y modos de producción que no respetan los límites de crecimiento del planeta, a pesar de que cuando estos cultivos se aplican a estructuras de producción minifundistas, como en China e India, sí permitan una mejora económica en la vida de los agricultores que han adoptado OGM. Algo que destaca el informe ISAAA mencionado que indica que la adopción de la tecnología ha contribuido a «[...] mitigar la pobreza ayudando a más de 16,5 millones de pequeños agricultores y sus familias que totalizan más de 65 millones de personas, algunas de ellas, las más pobres del mundo».

Sinceramente, hubiera preferido leer una defensa del modelo que están desarrollando por sus bondades económicas en un marco de *business as usual* que este mensaje con evidentes connotaciones de ONG. Así que ahora el debate transita del agro-negocio a la agro-subsistencia y la pregunta que abordo es ¿quién le da de comer al mundo?

El mismo año de la publicación del informe ISAAA, fue el año de la agricultura familiar y la FAO publicó el informe correspondiente^[12]. En lo que se refiere al tamaño medio de las granjas a nivel mundial, con datos de 111 países, los resultados se muestran en la Tabla 1.

Tamaños de las explotaciones	% del total
menor de 1 hectárea	72
entre 1 y 2 hectáreas	12
entre 2 y 5 hectáreas	10
entre 5 y 10 hectáreas	3
entre 10 y 20 hectáreas	1
más de 20 hectáreas	2

Tabla 1. Tabla confeccionada a partir de los datos en [12].

También, según las estimaciones contenidas en el mismo informe de la FAO (4) basadas en datos obtenidos en 30 países, la contribución de las pequeñas granjas familiares a la alimentación mundial se sostiene

a expensas de unos 570 millones de explotaciones, de las cuales un 80 % son pequeñas granjas familiares que producen el 80 % de la producción mundial. Una estimación más reciente^[13] basada en una aproximación metodológica diferente que incluye a 105 países, dos de ellos en más detalle, estima que el 93 % de las explotaciones agrícolas mundiales son fincas familiares y suponen el 53 % de la tierra dedicada a producir alimentos. Según una estimación conservadora, eso supone que la contribución mínima de las granjas familiares a la producción mundial de alimentos es del 53 %. Y si los resultados se expresan en función del porcentaje que esa producción tiene en el aporte calórico requerido por persona, los porcentajes son del 60 % o superior en las explotaciones estudiadas de Africa (62 %), Asia (78 %), Europa (76 %) y Oceanía (60 %). Mientras que en Sudamérica y Norteamérica sólo alcanzan el 36 y el 43 %, respectivamente. El estudio se centra con más detalles en dos países, en Brasil este porcentaje es del 65 % y en la agricultura de subsistencia de Malawi, un país subsahariano, del 71 %. Es posible que la contribución sea mayor porque hay evidencia empírica de que las explotaciones pequeñas producen más por hectárea que las de mayor superficie y la estimación mencionada está hecha en base a una producción similar. La diversidad de las fincas familiares es grande, aunque suelen compartir su pequeña extensión (menos de 2 hectáreas) y que los propietarios y sus familias trabajen en ellas. También son diversas las especies cultivadas y los tipos de manejo. El destino de su producción puede ser la subsistencia pero también, de forma complementaria o principalmente, el mercado local. Lo que también va en la dirección de otro de los retos que debemos conseguir que es re-localizar la producción de alimentos. Esta re-localización supone mayor seguridad alimentaria (objetivo ONU-FAO) y también más soberanía alimentaria, algo reivindicado por movimientos de agricultores internacionales como Vía Campesina.

Para las empresas multinacionales que son las que producen y comercializan la producción de semillas transgénicas y además fiscalizan su cultivo, la mejor manera de ayudar a estos pequeños productores e incrementar sus insumos económicos es a base de producir esos cultivos industriales, como el algodón, de forma cooperativa y destinarlos al mercado global. Eso implica que estos pequeños agricultores dejen de producir de la forma diversa, resiliente y dirigida al mercado local, algo que considero un error de gestión.

Alternativamente, creo que los poderes públicos y las instituciones internacionales deben diseñar políticas que aseguren la conservación y la potenciación de las explotaciones familiares mediante marcos normativos que las favorezcan y dedicando recursos de I+D a mejorar su gestión. Brasil cuenta con un modelo bicéfalo, por

un lado el modelo industrial con cultivos transgénicos pero también ha potenciado su agricultura local que está dirigida al mercado local y que supone, según datos del 2009, un 70 % del consumo doméstico de alimentos en el país.

Esto evidencia un argumento que ya adelanté al iniciar este artículo: hay una agricultura empresarial donde la producción es considerada un producto industrial más de los mercados globales (tanto regulados como financieros) y otra agricultura que produce localmente alimentos y no debe estar reñida con que los agricultores puedan ganarse su vida dignamente ejerciéndola. Esa agricultura es fundamental porque da de comer a la gente más pobre, está localizada, es más resiliente y eficiente termodinámicamente al consumir menos energía por caloría de alimento producido.

Las plantas transgénicas son en la actualidad, entre otras cosas, una opción tecnológica con un importante campo de utilización en la producción agrícola. Las tecnologías no son buenas ni malas, más bien tienen riesgos y ventajas que dependen de su modo de utilización y de a quienes beneficia. Por cuestiones de mercado y modelo de negocio, estas semillas transgénicas en la actualidad requieren para ser económicamente rentables cultivos que ocupen grandes superficies, como algunos de los que hemos mencionado. En este contexto, son una pieza más de un modelo de producción agrícola de tipo industrial concentrado en pocas manos. Este modelo de producción de alimentos es deslocalizado, muy dependiente de insumos y energía y en él prima el condicionante económico. Como efecto colateral, desvaloriza económicamente y desplaza otros modelos de producción, desarrollados en pequeñas explotaciones, más diversas y más sostenibles social y ambientalmente cuya producción y consumo de alimentos está localizada.

Estos modelos de producción de alimentos familiares contribuyen en la actualidad más significativamente a las calorías necesarias para la alimentación mundial con menos consumo de energía fósil y pueden ser determinantes para superar los retos que enfrentará la alimentación en los próximos decenios. Por ello deben

ser potenciados y protegidos de aquellos intereses que priman una visión economicista, como los que están detrás del uso de plantas transgénicas en la agricultura actualmente.

MIGUEL ÁNGEL QUESADA FELICE

es catedrático de fisiología vegetal en la UMA.

Referencias

- ¹Dunning Hotopp JC. Horizontal gene transfer between bacteria and animals. *Trends Genet* 27, 157 – 163. (doi:10.1016/j.tig.2011.01.005). 2011.
- ²Boto L. Horizontal gene transfer in the acquisition of novel traits by metazoans. *Proceedings Biological Sciences of the Royal Society* 281(1777), 20132450–20132450. doi:10.1098/rspb.2013.245. 2014.
- ³Hecht MM y otros. Inheritance of DNA transferred from American trypanosomes to human hosts. *PLoS ONE* 5, e9181. 2010.
- ⁴Huerta-Cepas J y otros. The human Phylome. *Genome Biol* 8. R109. 2007.
- ⁵Chan CX y otros. Are protein domains modules of lateral genetic transfer? *PLoS ONE* 4, e4524. 2009.
- ⁶Lurie-Weinberger MN y otros. The origins of eukaryotic-like proteins in *Legionella pneumophila*. *Int. J. Med. Microbiol.* 300, 470–481. 2010.
- ⁷Graham LA y otros. Lateral transfer of a lectin-like antifreeze protein gene in fishes. *PLoS ONE* 3, e2616. 2008.
- ⁸Moran NA y Jarvik T. Lateral transfer of genes from fungi underlies carotenoid production in aphids. *Science* 328, 624–627. 2010.
- ⁹European Network of Scientist for Social and Environmental Responsibility. (Consultado 13/06/2016) y publicado en: Hilbeck y otros *Environmental Sciences Europe* 27:4 con DOI 10.1186/s12302-014-0034-1. 2015.
- ¹⁰Union of Concerned Scientists. *Genetic Engineering in Agriculture*. 2016. (Consultado 13/06/2016).
- ¹¹James C (2014). Informe 49: Situación mundial de los cultivos biotecnológicos/GM comercializados. *International Service for the Acquisition of Agri-biotech Applications*. 2014.
- ¹²FAO. *The State of Food and Agriculture - Innovation in family farming*. 2014.
- ¹³Graeb BE y otros (2016). *The State of Family Farms in the World*. *World Development*. 2016.

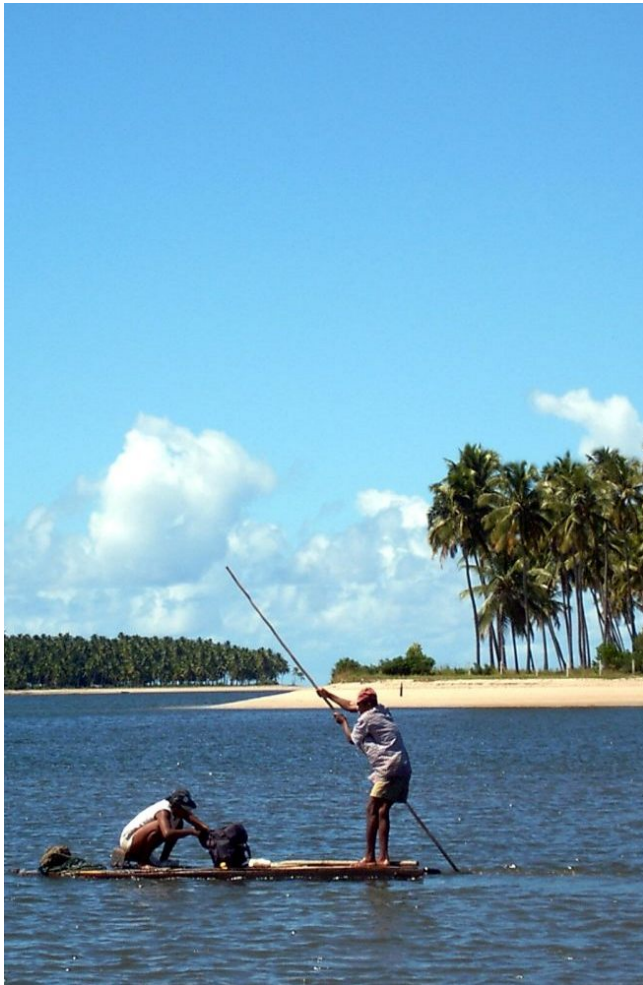
PRESIONES E IMPACTOS SOBRE EL MEDIO AMBIENTE:
NECESIDAD DE UN ENFOQUE ECOSISTÉMICO

por JAIME RODRÍGUEZ MARTÍNEZ

DEPARTAMENTO DE ECOLOGÍA, UNIVERSIDAD DE MÁLAGA, 29071 - MÁLAGA (ESPAÑA)

JAIME@UMA.ES

Palabras clave: Presiones, impactos, respuestas, enfoque ecosistémico, diversidad, servicios, bienestar, modelos
Enviado: 15 enero 2016. Aceptado: 18 mayo 2016



Créditos de la fotografía

Las actividades humanas ejercen presiones que provocan impactos sobre el medio ambiente. Estos cambios afectan al flujo de servicios de los ecosistemas, de cuya integridad depende el bienestar humano. El análisis de las relaciones entre humanos y naturaleza, complicadas por la complejidad de los ecosistemas y la incertidumbre derivada del cambio global, requiere una aproximación holística como la que caracteriza al *enfoque ecosistémico* y al modelo conceptual de *socio-ecosistema*, con énfasis en el papel del flujo de servicios de los ecosistemas en relación con el bienestar humano. El examen de la normativa legal en el ámbito marino pone de manifiesto que el enfoque ecosistémico va más allá de una simple aportación conceptual y encierra, tal como se propone en el Convenio de Diversidad Biológica, un valor de estrategia operativa aplicada al análisis de problemas y preocupaciones ambientales. Se introduce uno de los modelos diseñados para este tipo de análisis, derivado del programa de Evaluación de Ecosistemas del Milenio, organizado según la secuencia cíclica de los siguientes componentes: presiones indirectas (o impulsores indirectos del cambio en los ecosistemas), presiones directas (o impulsores directos del cambio), estado del ecosistema (biodiversidad y funciones ecológicas), servicios de los ecosistemas, bienestar y respuestas (acciones e intervenciones dirigidas a corregir tanto las causas como los efectos negativos de las actividades humanas sobre los sistemas natural y social).

Human activities exert pressures that cause impacts on the environment. These changes affect to the flow of ecosystem services, whose integrity is fundamental for human wellbeing. The analysis of relationships between people and nature is complicated by ecosystem complexity and the uncertainty derived from the present global change conditions. This requires a holistic way-of-thinking like that of the ecosystem approach and the social-ecological conceptual model, with emphasis on the role of ecosystem services on human wellbeing. Some examples of legal regulation in the marine environment show that the ecosystem approach goes beyond the conceptual or theoretical value. As the Convention on Biological Diversity proposes, the ecosystem approach has a strategic, operative value in the analysis of environmental problems and concerns. I introduce one of the models designed for this kind of analysis. The model derives from the Program of Millennium Ecosystem Assessment and describes the following cyclic sequence: indirect pressures (or indirect drivers of ecosystem change), direct pressures (or direct drivers of change), ecosystem state (biological diversity and ecological functions), ecosystem services, human wellbeing and responses (actions and interventions aimed at reducing both the causes and the negative effects of human activities on the natural and social systems).

Vivimos en una situación de cambio global acelerado

Los humanos estamos ejerciendo un profundo impacto sobre la estructura y el funcionamiento de la naturaleza a todas las escalas, desde nuestro entorno más cercano hasta el conjunto del planeta. La contaminación de la atmósfera con sus secuelas de calentamiento global, cambio climático, destrucción de la capa de ozono y pérdida de calidad del aire que respiramos; la contaminación de los ríos, los acuíferos, las aguas marinas y los suelos; la sobre-explotación de los recursos pesqueros e hídricos; la deforestación y fragmentación de hábitats naturales, la pérdida de diversidad biológica y cultural... Toda una larga lista de cambios que, en conjunto, constituyen el denominado *cambio global* que ha llevado a los expertos^[1] a identificar este período, iniciado con la revolución industrial y en proceso de aceleración desde mediados del siglo XX, como una nueva época en el curso de la historia geológica y biológica del planeta: *el Antropoceno*.

La relación entre humanos-naturaleza ante el cambio global

El análisis de numerosos indicadores demográficos, económicos, sociales y culturales durante este período demuestra la estrecha relación entre el comportamiento y actividad de la especie humana y el cambio acelerado en los ecosistemas. En cualquier caso, la visión antropocéntrica de esta relación entre humanos y ecosistemas suele tener un carácter unidireccional (Figura 1a): detectamos y reconocemos que nuestras actividades provocan impactos negativos sobre los ecosistemas, analizamos el problema generado y respondemos a él tratando de corregirlo o de modificar las causas que lo han provocado. Así, promulgamos leyes de protección ambiental, establecemos áreas protegidas, diseñamos planes de recuperación de una especie en peligro de extinción, restauramos un espacio que ha sido dañado por un vertido contaminante, ponemos en marcha planes de educación ambiental de la ciudadanía, etc.

Hoy se reconoce, sin embargo, que esta visión unidireccional (o fundamentalmente proteccionista, en el sentido de que la naturaleza aparece como una entidad externa al ser humano) es, cuanto menos, incompleta, pues no reconoce el hecho de que, a pesar del extraordinario desarrollo tecnológico, *los humanos seguimos dependiendo de la naturaleza*, ya que la mayor parte de los procesos ecológicos se traducen en beneficios para el ser humano a través del flujo de servicios de los ecosistemas^[2,3] (Figura 1b). Este alejamiento de la realidad es, lógicamente, más notorio en las sociedades de mayor nivel económico, donde el optimismo tecnológico alimenta la idea de una sociedad humana independizada del medio ambiente y tiene, globalmente hablando, una consecuencia dramáticamente relevante: la degradación de la estructura y la funcionalidad de los ecosistemas se traduce en pérdida de bienestar humano.

Por otra parte, los ecosistemas son sistemas complejos que exhiben un comportamiento no-lineal, con posibles cambios catastróficos de estado^[4], lo que pone en jaque casi cualquier predicción sobre la capacidad del sistema para permanecer en un determinado dominio de estabilidad frente a las presiones externas, capacidad que hoy identificamos como resiliencia ecológica^[5]. Finalmente, las condiciones actuales de cambio global generalizado y acelerado introducen un componente adicional de incertidumbre derivado de la aparición de efectos sinérgicos entre diferentes agentes de presión humana. Todo ello implica la necesidad de abordar los problemas ambientales de origen antropogénico de una manera holística, ecosistémica, aproximación que requiere la integración de

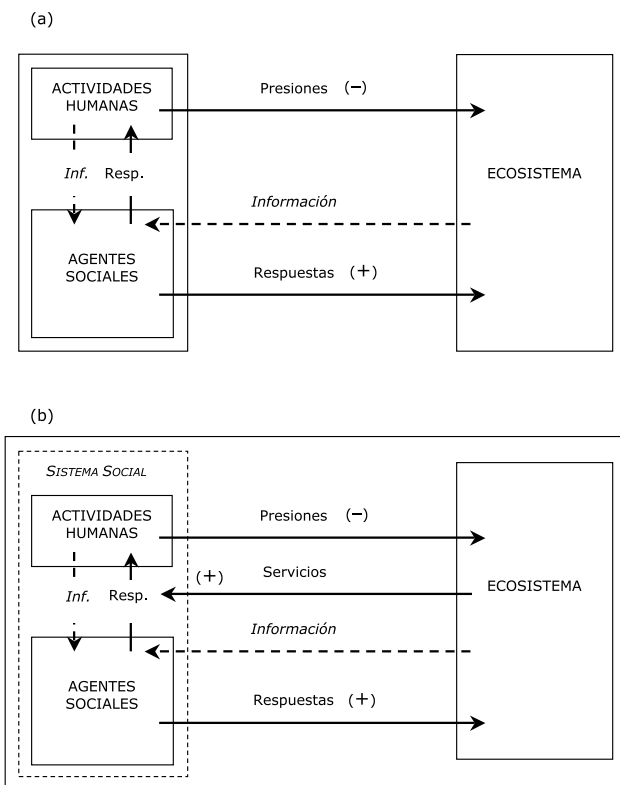


Figura 1. Dos formas de entender las relaciones entre humanos y naturaleza. (a) Típico *modus operandi* humano bajo la consideración de una separación de los sistemas social y natural y una relación unidireccional entre ambos. (b) Reconocimiento de una relación mutua, bidireccional, a través del flujo de servicios que los ecosistemas brindan al ser humano así como de la integración de los sistemas social y natural en una entidad global que es el *sistema socio-ecológico*.

los sistemas social y natural en una entidad superior, el denominado *sistema socio-ecológico*^[6] (Figura 1b) sobre el cual volveré más adelante.

El enfoque ecosistémico: ¿concepto o herramienta operativa?

Lo antes expuesto puede sugerir que, al proponer un enfoque *ecosistémico*, lo que se plantea no es más que una actitud mental, una forma de pensar en nuestras relaciones con la naturaleza, algo que no va más allá de una cuestión conceptual sin repercusión práctica en el mundo real de la conservación, la gestión y la política ambiental. Consideraciones conceptuales aparte (que también son importantes), la aparición explícita de la expresión «enfoque ecosistémico» en la normativa legal y en los planteamientos operativos de organizaciones relacionadas con el medio ambiente y los recursos naturales sugiere que dicho enfoque debe de tener un valor práctico, un carácter de estrategia metodológica de cara a la política ambiental a todas las escalas, desde la local hasta la global o planetaria. Veamos algunos ejemplos de estas normas, relacionados con la conservación y gestión de ecosistemas marinos.

– La *Directiva Marco 2008/56/CE de la UE para la Estrategia Marina* dice en su artículo 1:

«Las estrategias marinas [de los Estados Miembros] aplicarán un enfoque ecosistémico de la gestión de las actividades humanas...»

– La *Ley 41/2010 de Protección del Medio Marino del estado español*, primera etapa de la implementación de la Directiva para la Estrategia Marina, dice (artículo 4), en coherencia con la directiva europea:

«Se aplicará una gestión adaptativa de las actividades humanas siguiendo el principio de precaución y el enfoque ecosistémico...»

– El *Convenio de Barcelona para la Protección del Mar Mediterráneo*, una herramienta del Plan de Acción para el Mediterráneo del Programa de Naciones Unidas para el Medio Ambiente, en su reunión de las Partes Contratantes de 2008, dispone que:

«To ensure the sustainability of the exploitation of marine goods and services in the Mediterranean Sea, the ecosystem approach (...) will be applied.»

Aunque sin carácter de normativa legal, otros organismos internacionales como la FAO en relación con las pesquerías^[7] y la IUCN en relación con la conservación de la biodiversidad en general^[8] promueven recomendaciones en este mismo sentido.

El carácter estratégico del enfoque ecosistémico tiene su origen en la declaración formal del *Fifth Ordinary Meeting of the Conference of the Parties to the Convention on Biological Diversity* (Nairobi, Kenia, 2000) :

«The ecosystem approach is a strategy for the integrated management of land, water and living resources that promotes conservation and sustainable use in an equitable way (...). It recognizes that humans, with their cultural diversity, are an integral component of many ecosystems(...). The ecosystem approach should be the primary framework of action to be taken under the Convention.»

El *Convenio de Diversidad Biológica* (CDB) se constituye formalmente durante la *Cumbre de la Tierra* del Programa para el Medio Ambiente y el Desarrollo de Naciones Unidas, celebrada en Río de Janeiro en 1992, y lo hace como resultado del reconocimiento de (a) la necesidad de abordar modos de desarrollo sostenible, y (b) el valor de la diversidad biológica como bien mundial para las generaciones presentes y futuras. Como puede apreciarse en la declaración anterior, el enfoque ecosistémico aparece como la herramienta necesaria para abordar la conservación de la diversidad biológica (genes, especies y ecosistemas) a través del equilibrio o balance entre los tres objetivos que se establecen en la fundación del CDB: conservación de la diversidad, uso sostenible de sus componentes y reparto justo de los beneficios derivados de su explotación.

En este punto puede ser oportuno señalar la existencia de un malentendido que se manifiesta frecuentemente en debates sobre las formas de abordar la protección o conservación de la biodiversidad. Desde enfoques estrictamente relacionados con la protección de determinadas especies focales, es frecuente confundir el enfoque «ecosistémico» con un enfoque «de ecosistemas», que vendría a ser algo así como un conjunto de recomendaciones o una guía para gestionar ecosistemas en lugar de especies^[8]. El enfoque ecosistémico, tal como lo propone el CDB, es, de hecho, un marco operativo para la gestión y la toma de decisiones en relación con los problemas y preocupaciones ambientales que nos afectan, y no excluye otras aproximaciones conceptuales y metodológicas tales como programas de conservación de especies amenazadas, establecimiento de áreas protegidas, etc. De hecho, lo que hace el enfoque ecosistémico es integrar todas las posibles aproximaciones y metodologías para tratar problemas complejos como son los que derivan de la interacción entre humanos y ecosistemas.

El sistema socio-ecológico y los servicios de los ecosistemas como base conceptual

Como se apuntaba al inicio, la interacción entre el sistema social y el sistema natural da lugar a una entidad, el sistema *socio-ecológico* (Figura 1b), que constituye el marco conceptual básico en el que se desarrolla el enfoque ecosistémico y cuya consideración global se considera condición necesaria a la hora de abordar problemas complejos como son la mayoría de los problemas ambientales. En este ámbito, el sistema social actúa e interviene sobre el sistema natural, y los cambios provocados en él afectan al flujo de servicios del ecosistema, entendidos como el subconjunto de procesos o funciones ecológicas de las cuales se derivan beneficios (económicos, ecológicos, socioculturales) para los humanos^[2,3,9].

Tradicionalmente, el valor adscrito a los ecosistemas ha estado relacionado con su capacidad para producir bienes tangibles (recursos alimenticios, materiales, metabolitos, genes, etc.) que hoy se engloban en los denominados *servicios de provisión o abastecimiento* que pueden introducirse fácilmente en la valoración del impacto que su degradación tiene sobre determinados aspectos del bienestar humano. Sin embargo, muchos de los beneficios que el ser humano obtiene de los ecosistemas no son fáciles de valorar económicamente pero son igualmente fundamentales para su bienestar. Es el caso de la mayoría de los *servicios de regulación*, como el proceso de absorción y secuestro de carbono en las aguas profundas y sedimentos oceánicos (la denominada «bomba biológica de carbono») que explica la contribución del océano a la regulación del clima planetario^[5]; o el papel de las praderas de la fanerógama marina *Posidonia oceanica* en la estabilización morfosedimentaria del litoral; o el papel de ciertas *especies clave* en el sostenimiento de la estructura trófica y la productividad biológica de un ecosistema. Finalmente, otros servicios son claramente intangibles: ¿cómo poner precio, por ejemplo, al valor que un determinado paisaje tiene sobre el sentimiento de pertenencia que une a la gente con su entorno? La lista de posibles *servicios culturales* que los ecosistemas nos brindan es muy larga y su pérdida afecta a diferentes componentes de lo que hoy se considera el bienestar humano, un concepto que supera la idea de la renta per capita como indicador del nivel de vida medio para proponer una aproximación multidimensional de la calidad de vida, en la que el componente PIB se enriquece con aspectos relacionados con la salud, la educación, las relaciones sociales o la libertad de acción y elección^[3,10,11].

Un modelo operativo para el enfoque ecosistémico

La implementación del enfoque ecosistémico como herramienta operativa se hace a través de diferentes marcos analíticos propuestos, con diferente nivel de desarrollo y complejidad, por organismos como la Agencia Europea de Medio Ambiente, la Organización para la Cooperación y el Desarrollo Económico, el *World Resources Institute* (WRI) e iniciativas globales como el *Programa de Evaluación de Ecosistemas del Milenio* (EEM) de Naciones Unidas o el proyecto *The Economics of Ecosystems and Biodiversity* (TEEB), un proyecto auspiciado por Naciones Unidas y la Comisión Europea entre otros. En todos ellos se requiere el análisis no sólo de los impactos derivados de las actividades humanas sino también de las acciones e intervenciones en respuesta a los cambios observados. Además, en los modelos más desarrollados (WRI, EEM, TEEB) aparecen explícitamente componentes relacionados con los servicios de los ecosistemas, los beneficios derivados y su efecto sobre el bienestar humano.

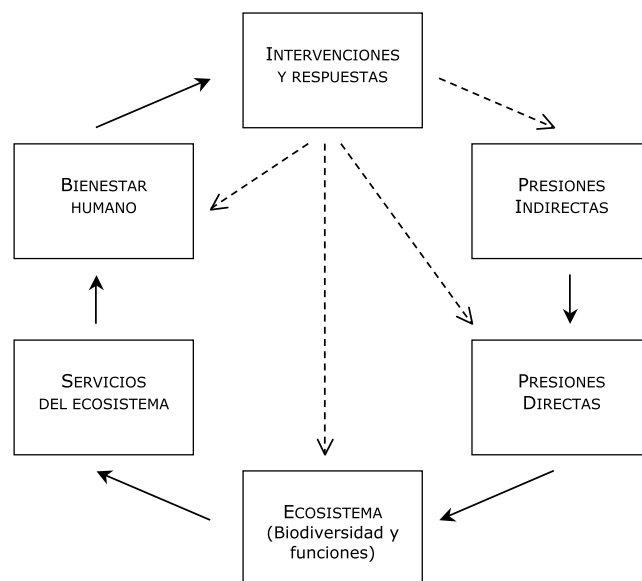
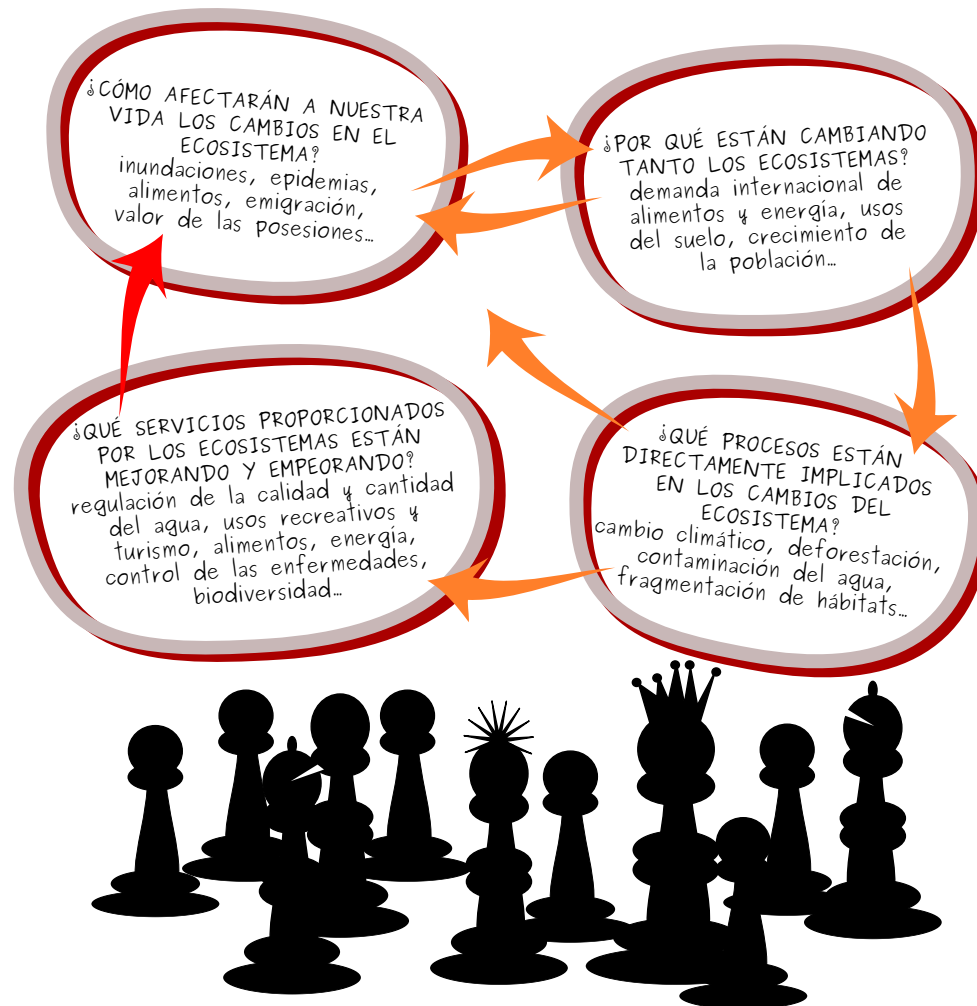


Figura 2. Un modelo para la aplicación del enfoque ecosistémico al análisis de problemas o preocupaciones ambientales. Modificado de [12].

El modelo de la Figura 2, basado en el marco conceptual del programa de Evaluación de Ecosistemas del Milenio, requiere, para el análisis de cualquier problema ambiental, la identificación de las relaciones causa-efecto entre los agentes de presión y los cambios observados en el estado de los ecosistemas. Los cambios de usos del suelo, los aportes de sustancias externas, la extracción de recursos, la introducción o eliminación de especies, el cambio climático, etc representan *presiones directas* sobre el estado de la

biodiversidad y el funcionamiento de los ecosistemas. Como tales, estos agentes de presión suelen describirse como *impulsores directos* de cambio, y derivan de un conjunto de factores demográficos, económicos, sociopolíticos, culturales, religiosos, científicos o tecnológicos que actúan sobre los ecosistemas como *presiones indirectas* (o *impulsores indirectos* de cambio).



Los cambios de estado del ecosistema repercuten, positiva o negativamente, en el flujo de servicios que los ecosistemas aportan al ser humano. Por ejemplo, la sobreexplotación pesquera puede aumentar la disponibilidad de alimento, lo que representa un aumento del servicio de abastecimiento, aunque insostenible a largo plazo por la propia identificación del proceso como «sobreexplotación». Al mismo tiempo, la pérdida de biodiversidad asociada a efectos colaterales de la actividad pesquera (daños físicos del lecho marino en la pesca de arrastre, mortalidad por descartes, capturas accidentales de especies no-objetivo como las tortugas marinas, etc.) afectan negativamente a otros servicios de regulación y culturales. A su vez, los cambios en el flujo de servicios afectan al bienestar humano. La sobreexplotación pesquera puede traducirse, a corto plazo, en un aumento de la

renta per capita de sectores sociales relacionados con la propia actividad pesquera, el turismo, la industria alimentaria y otros, aunque su carácter insostenible impone, más bien pronto que tarde, un límite temporal a los beneficios derivados de la propia actividad pesquera.

Finalmente, la percepción de los cambios provocados en los ecosistemas, flujo de servicios y bienestar humano, deben guiar las intervenciones o respuestas sociales dirigidas a corregir el problema (Figura 2). Las respuestas pueden ser de carácter jurídico, económico, científico-tecnológico, educativo, etc., y pueden tener como objetivo la prevención y mitigación del problema (actuando principalmente sobre los impulsores primarios o indirectos y las presiones directas), la rehabilitación, restauración o simplemente mejora del estado ecológico, o la adaptación a las nuevas con-

diciones ambientales, lo que puede incluir medidas sociales dirigidas a preservar el bienestar humano. Por definición, no se puede intervenir directamente sobre los servicios de los ecosistemas sino que debe actuarse a través de la recuperación de las funciones ecológicas degradadas, de forma directa si es posible y, en todo caso, a través de la modificación de los impulsores indirectos (las causas primeras del problema) o de la reducción o eliminación de las presiones directas (Figura 2). Los actores sociales responsables de responder al problema planteado incluyen desde los individuos hasta las organizaciones internacionales, por lo que, en coherencia, las respuestas pueden darse a escalas que varían desde la local hasta la global o planetaria.

El modelo descrito plantea el reto de la valoración de los servicios de los ecosistemas y su contribución al bienestar humano. Esto es lo que persigue la iniciativa TEEB prestando especial atención a criterios de valoración ecológicos, socio-culturales y económicos e introduciendo, entre *servicios* y *bienestar*, el componente *beneficios*, que identifica cómo y en qué medida los servicios contribuyen al bienestar humano. Esta línea de desarrollo abre la discusión entre los enfoques de la *economía ambiental* y la *economía ecológica*^[13], algo que queda fuera de los objetivos de este artículo.

La aplicación de cualquiera de los modelos existentes reposa sobre la disponibilidad, búsqueda y elaboración de indicadores ambientales, cuya valoración proporciona información simplificada sobre los elementos o procesos clave relacionados con un problema ambiental complejo^[14]. Pueden definirse indicadores para cada uno de los compartimentos del modelo utilizado, pero también (y muy importantes) sobre la efectividad de las respuestas sociales al problema. Un buen indicador cuantifica y simplifica la información, facilita la comunicación y ayuda a los gestores a identificar el origen del problema, seguir su evolución así como examinar la efectividad de sus intervenciones, lo que permite la aplicación de una gestión dinámica y adaptativa.

En cualquier caso, el contenido de los modelos presentados indica claramente el carácter interdisciplinar del enfoque ecosistémico, tal como se manifestaba desde su propuesta como estrategia para alcanzar los objetivos ecológicos, económicos y sociales del Convenio de Diversidad Biológica, carácter que se traduce en la obligatoriedad de la cooperación entre diferentes áreas de las ciencias biofísicas y sociales. El diagnóstico del estado ecológico es, obviamente, materia de análisis de expertos de campos como la biología, geología, medio ambiente, geografía, ciencias del mar, ingenierías diversas, etc, campos que tam-

bién contribuyen a la identificación y análisis de las presiones directas sobre el medio ambiente así como al efecto de los cambios de estado sobre las funciones ecológicas y los servicios derivados de su alteración (principalmente los de provisión y regulación). Disciplinas del ámbito de la economía y la sociología deben identificar los factores que intervienen como impulsores indirectos del cambio en los ecosistemas, el estado y tendencias de los servicios culturales así como valorar los beneficios que los servicios de los ecosistemas aportan al bienestar humano. Finalmente, hoy se reconoce que la etapa de decisión sobre actuaciones y respuestas debe contar no solo con la opinión de los expertos de las disciplinas anteriores sino con la participación de los sectores ciudadanos afectados por el problema generado o potencialmente afectados por la respuesta de los responsables de la toma de decisiones al respecto.

Referencias

- ¹Steffen W y otros. The trajectory of the Anthropocene: The Great Acceleration. *The Anthropocene Review* 2: 81-98, 2015.
- ²Haines-Young R y Postchin M. The links between biodiversity, ecosystem services and human well-being. En *Ecosystem Ecology: A new synthesis*, Raffaelli D y Frid C (eds.). Cambridge University Press, Cambridge. 2010.
- ³Millennium Ecosystem Assessment. *Ecosystems and Human Well-being: Synthesis*. Island Press, Washington DC. 2005.
- ⁴Scheffer M y otros. Catastrophic shifts in ecosystems. *Nature* 413: 591-596, 2001.
- ⁵Rodríguez J. *Ecología*. Ed. Pirámide, Madrid. 2013.
- ⁶Berkes F y Folke C. *Linking Social and Ecological Systems: Management Practices and Social Mechanisms for Building Resilience*. Cambridge University Press, Cambridge. 1998.
- ⁷FAO. *Fisheries management. The ecosystem approach to fisheries*. FAO Technical Guidelines for Responsible Fisheries, 4 (Suppl. 2). 2003.
- ⁸Smith RD y Maltby E. *Using the Ecosystem Approach to Implement the Convention on Biological Diversity. Key Issues and Case Studies*. IUCN, Gland, Switzerland and Cambridge. 2003.
- ⁹De Groot R y otros. A typology for the classification, description and valuation of ecosystem functions, goods and services. *Ecological Economics* 41: 393-408. 2002.
- ¹⁰UE. *Más allá del PIB: Evaluación del progreso en un mundo cambiante*. Comunicación de la Comisión al Consejo y al Parlamento Europeo. 2009.
- ¹¹Martín-López B y otros. *Ciencias de la Sostenibilidad: Guía Docente*. Instituto Humboldt, Universidad del Magdalena y Universidad Autónoma de Madrid, Bogotá y Madrid. 2013.
- ¹²Montes C y otros. *Ecosistemas y biodiversidad de España para el bienestar humano. Evaluación de Ecosistemas del Milenio de España. Síntesis de resultados*. Fundación Biodiversidad. Ministerio de Medio Ambiente Rural y Marino. 2011.
- ¹³Arroyo-Agudo P y Miguélez E. El reto de valorar los servicios de los ecosistemas. En *Servicios ambientales en Reservas de la Biosfera españolas*, Onaindía M (ed.). Ministerio de Medio Ambiente, Rural y Marino. 2010.
- ¹⁴Smeets E y Weterings R. *Environmental indicators: Typology and overview*. European Environment Agency Technical report No 25, Copenhagen. 1999.

Jóvenes científicos

La Facultad de Ciencias de la Universidad de Málaga cobija a grandes promesas de la investigación. Con intención de darles visibilidad surge Jóvenes científicos: una nueva sección de entrevistas realizadas por estudiantes de este centro para acercar a los científicos en ciernes a los que pocos años por detrás les andan. Inquietas cuestiones en el lenguaje directo de los jóvenes es la forma más sencilla de enseñar que la ciencia puede ser tan bisoña como buena. Para empezar, Francisco José Villena, estudiante de grado de biología, entrevista a dos futuros doctores en una disciplina que le fascina: la virología molecular.

La dificultad para controlar los virus radica en la gran capacidad de mutar sus genomas durante la infección lo que les permite evolucionar muy rápido. En sus estudios de doctorado, Luis Díaz y Pedro Seoane han desarrollado *QuasiFlow*, un programa informático que permite estudiar las secuencias genómicas que componen las poblaciones víricas, llamadas *cuasiespecies*, con un detalle que hasta ahora no era posible. Con él pretenden averiguar cómo se genera la enorme variabilidad genética de los geminivirus, unos virus de plantas

cuyo genoma está formado por ADN monocatenario que causan muchas pérdidas económicas en la agricultura mediterránea. Resulta impactante que para estudiar a los seres más minúsculos sobre la Tierra necesitemos a *Picasso*, una de las mayores supercomputadoras de España. El trabajo de Luis Díaz Martínez está supervisado por los Profesores Titulares de Genética Ana Grande Pérez y Enrique Viguera, mientras que Pedro Seoane realiza su labor investigadora bajo la dirección del Profesor Titular de Bioquímica Gonzalo Claros.



Luis Díaz (izquierda) y Pedro Seoane (derecha) en las instalaciones del supercomputador Picasso.

Créditos de la foto

FJ: En primer lugar, hablemos de vuestra creación ¿qué hace *QuasiFlow* desde un punto de vista informático? ¿Y desde el biológico?

PS: En sí mismo es un flujo de trabajo informático, lo cual implica que encadena un montón de tareas entre

sí para sacar información de las muestras de virus que tengamos. La intención es caracterizar la población vírica que contenga una muestra para saber cómo está y como se comporta dentro de su hospedador.

LD: *QuasiFlow* realiza un análisis de hasta 23 variables

que permite algo que hasta ahora era imposible en el estudio de cuasiespecies, el poder realizar experimentos con réplicas biológicas y comparar entre muestras. El concepto que se tenía de una cuasiespecie viral era que presentaban tal heterogeneidad que no era capaz de reproducirse en laboratorio para unas mismas condiciones, ya que cada una evolucionaba de forma distinta debido a la alta variabilidad del sistema. Como podías comparar un número muy reducido de clones virales era imposible ver sus similitudes, sin embargo nuestra aplicación es capaz de «normalizar» la cuasiespecie; crea una media de variables que permite ver los patrones comunes entre cuasiespecies que hacen que se comporten de la misma forma bajo un mismo hospedador.

FJ: ¿Qué ventaja supone vuestra aplicación frente a otras herramientas de estudio de secuencias genómicas preexistentes?

LD: En biología es muy importante la reproducibilidad y en eso se basa la fortaleza de nuestro software, consigue aportar a la comunidad científica una herramienta (de código abierto) de estudios y análisis de cuasiespecies más fuertes y reproducibles.

PS: Su automatización es clave; permite por ejemplo tener un análisis profundo de 24 muestras en paralelo (con recursos del supercomputador disponible) listo en 5h, mientras que antes tendría que dedicar hasta 120 días (5 días por muestra). Además, al ser automatizado permite poder analizar muchas más variables de golpe para detectar y correlacionar señales interesantes del estudio. Se gana enormemente en tiempo y cantidad de resultados con sólo descargar las secuencias y arrancar el programa.

FJ: Suena a que se trata de un programa muy potente al decir que se usa en una supercomputadora como *Picasso* pero, ¿puedo ejecutar *QuasiFlow* en cualquier ordenador?

LD: No, *QuasiFlow* puede necesitar hasta 75 núcleos y una memoria RAM que llegue a picos de 600GB... Los ordenadores comerciales más potentes suelen tener 16 o 32GB a lo sumo. Es imprescindible contar con una supercomputadora, como *Picasso*, donde están instalado todo lo que necesita *QuasiFlow* para trabajar. La idea es que cualquier investigador que lo necesite acceda remotamente a él en un único lugar.

FJ: Vosotros os habéis centrado en el estudio de variabilidad en geminivirus de interés agrícola, ¿es extrapolable al campo de la biomedicina, con virus tan cambiantes como los de la gripe?

LD: Sin duda, de hecho hicimos pruebas con virus de la hepatitis y el SIDA. *QuasiFlow* se centra en estudio de la variabilidad en una población viral, independientemente de quién sea o cómo se llame el virus o cual sea su hospedador. Se centra en estudiar la variabilidad que hay entre un número de secuencias que tú le ofreces,

siempre y cuando el virus ya haya sido secuenciado con anterioridad y podamos usarla de referencia para compararla con las que nosotros tenemos. Por ejemplo no serviría para trabajar con secuencias virales extraídas de una muestra de tierra, porque no podríamos trabajar debido a que se desconocen los virus que puede contener dicha muestra y no podríamos acceder a las secuencias de referencia para comprobar las variantes que existen en la secuenciación.

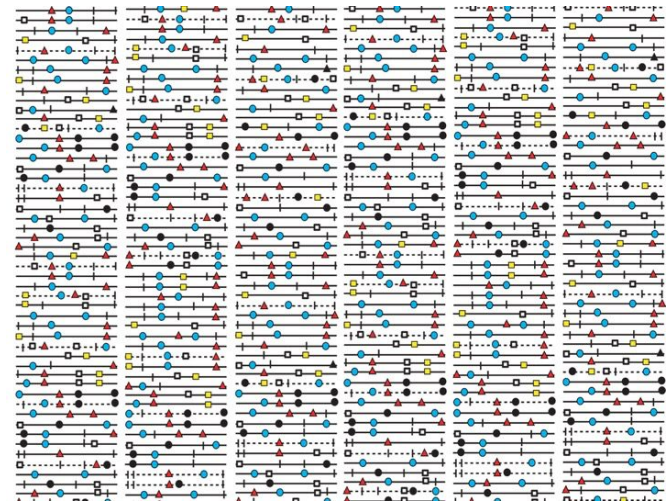


Figura 1. Si bien la imagen podría pasar por una obra neoplasticista del holandés Piet Mondrian, en realidad se trata de una representación gráfica del Dr. Esteban Domingo Solans, el virólogo español que obtuvo la primera evidencia experimental de *cuasiespecies virales*. Este término se acuñó para describir las distribuciones complejas de variantes genéticas que forman los virus ARN que están estrechamente relacionadas y que evolucionan para adaptarse a su hospedador. En la imagen se representa una fracción de la cuasiespecie: cada línea representa un genoma vírico y los símbolos sobre ellas marcan mutaciones. Las líneas discontinuas son secuencias incapaces de perpetuarse, debido a que superaron la tasa de mutación tolerada por la cuasiespecie. Por tanto, los virus de ARN no actúan como una única secuencia canónica, sino un conjunto de mutantes que evolucionan como unidad de selección. Un ejemplo muy recurrido por el autor de la imagen para comprender la magnitud de la variabilidad es el siguiente: «Son necesarias alrededor de 100 millones de imágenes como esta para representar la cantidad de mutantes del HCV (virus de la hepatitis C) que presenta un hígado humano infectado severamente por el virus. Pero eso no es todo; el número, tipo y distribución de las mutaciones es distinta en función del paciente». Sin duda, esta alta variabilidad hace que el estudio de estos virus y la obtención de secuencias consenso que faciliten su estudio para combatirlos sea un gran desafío. Para responder a dicho desafío se ha creado en la UMA *QuasiFlow*, una herramienta de análisis de datos de secuenciación masiva con firma malagueña. Foto cedida de «*Virus as Populations*» (E. Domingo 2016).

FJ: Quisiera cerrar la entrevista con una cuestión que personalmente me preocupa y estoy seguro que a más potenciales científicos de mi generación también: ¿Qué

panorama podéis describirme en cuanto a aspirar a la investigación en España en la delicada situación económica actual?

PS: Sinceramente, está complicado. Con los últimos recortes la financiación está muy mal, plantearte hacer un doctorado requiere algún tipo de beca además de hacer previamente un máster que tampoco es barato. En cuanto a la vía académica hay que tener las ideas claras y procurar un buen expediente para las becas. Por otra se necesita seguridad en uno mismo para tirar para adelante, es un camino duro que puede llegar a verse como un pozo sin fondo y creatividad para afrontar los problemas que la investigación plantea.

LD: Es muy importante además la «independencia» investigadora. La persona que se quiera dedicar a esto sepa que va a tener gente por encima suya a la que debe obediencia, pero nunca está de más, además, explorar por otros caminos siempre y cuando cumplas primero

con los que tus directores te marquen. El campo de la biología te permite afrontar los problemas de distintas formas, pero sin duda lo más importante es el esfuerzo para ser una persona curiosa, que se busque su hueco en un laboratorio y que su expediente le permita iniciarse en la investigación. Aquí las personas a las que les da un poco igual todo y no quieren hacer de esto su vida, ahora mismo como está la situación, no van a encontrar su lugar en la investigación. Es uno de los trabajos más gratificantes y cuando salen las cosas bien sientes como tu esfuerzo da resultados y merece la pena.

Parece que el desafío (Figura 1) que planteaban las cuasiespecies está más cerca de resolverse, ahora es a los potenciales biólogos a los que se nos presenta otro desafío; prosperar en nuestras pretensiones a la investigación y llegar a aportar a la comunidad científica un trabajo tan importante como el de los entrevistados.

EL RETO DE COMPRENDER LA TRANSFERENCIA HORIZONTAL DE LA INFORMACIÓN GENÉTICA

por ALEJANDRO LÓPEZ MARTÍN

ESTUDIANTE DEL MÁSTER DE EVOLUCIÓN. UNIVERSIDAD DE MÁLAGA

ALEXLOPEZMARTIN@GMAIL.COM

Palabras clave: Gen, transferencia, virus, conjugación, transducción, transformación, transgénicos, resistencia antibióticos

Enviado: 28 enero 2016. *Aceptado:* 15 junio 2016

Editor asociado: Héctor Valverde

La transferencia genética horizontal es un fenómeno de intercambio genético no ligado a la reproducción, en el que el material genético se transfiere entre organismos sin relación de descendencia. Se describió por primera vez en 1951 en la bacteria causante de la difteria y desde entonces se han descrito distintos mecanismos por los que ocurre, como la *conjugación*, un mecanismo en el que la información genética es transportada a través de una estructura específica: el pilus; la *transducción*, en el que virus transportan genes desde un organismo a otro; y la *transformación*, en el que una bacteria con cierta permeabilidad en su pared permite la entrada de ácidos nucleicos al interior de la célula. Sorprendentemente, se ha observado transferencia horizontal entre especies pertenecientes a grupos taxonómicos alejados. Actualmente, el interés de la sociedad por estos mecanismos está en alza debido a que se considera una de las vías de dispersión de genes de resistencia a antibióticos. De hecho, organizaciones internacionales como la Organización Mundial de la Salud y Greenpeace se han pronunciado al respecto. Además, desde un punto de vista teórico, el hecho de que fragmentos de ADN adquiridos mediante transferencia horizontal formen parte de genes funcionales, incluso en organismos superiores, suscita un mayor interés de estos mecanismos por parte de la comunidad científica.

Horizontal gene transfer refers to the transmission of genetic information in a manner not related to reproduction. In contrast to vertical gene transfer, the nucleic acids are transferred between organisms without offspring relationship. It was first time observed in 1951 on the diphtheria bacteria. Since then, different kinds of mechanisms have been described, such as conjugation, where the genetic information is transferred throughout an ad-hoc structure (the pilus); transduction, where virus transport genes from an organism to another; and transformation, the process where bacterial cells, with certain permeability degree in their wall, allow naked DNA molecules enter into the cell and end up taking part of its genetic endowment. Surprisingly, this phenomenon has been observed between species from distant taxonomic groups. Nowadays, these mechanisms are engaging interest from the society, as they are considered one of the tracks through the antibiotic resistance genes are spread. Indeed, worldwide recognized organizations like World Health Organization and Greenpeace have raised concerns about this regards. In addition, from a theoretical point of view, the fact that DNA fragments acquired via horizontal gene transfer are part of functional genes, even in superior species, add more interest to the scientific community in this phenomena.

La transferencia «tradicional»

Ya sabemos cómo funciona. Chica conoce a chico. Él pide una copa. Ella pide otra. Guiño. Sonrisa. La última en casa. Cruce de miradas. El hielo de sus copas se derrite lentamente. Quizás pueda intuirse en esta situación el comienzo de un proceso de transmisión material hereditario bien conocido, la reproducción. Alrededor de nueve meses después de su gran noche nacerá un nuevo individuo que portará información genética tanto de chica como de chico. A rasgos generales, se dice que en este escenario la transmisión de información genética es vertical, dado

que solo se da desde individuos de una generación a individuos de una generación inmediatamente posterior. Durante décadas la humanidad dio por sentado que toda forma de transmisión de información genética era vertical. Pero en 1951 se observó que una cepa no virulenta de difteria se transformaba en una virulenta al estar en contacto con otra cepa que mostraba dicho carácter. Dado que la virulencia es un carácter meramente genético, estas observaciones podían hacer pensar que existían mecanismos de transferencia genética entre individuos de una misma generación. En contraste con el conocido proceso de transmisión genética vertical se observaba entonces una transmi-

sión horizontal. La difteria llevaba causando estragos varios siglos, una de las primeras epidemias de esta enfermedad de las que se tiene constancia fue en España, donde 1613 fue conocido como el «año de los garrotillos» en referencia al término con el que se conocía la enfermedad, descrita en el siglo anterior por el médico español Francisco López de Villalobos.

La transferencia horizontal

No obstante, el término transferencia genética lateral no apareció hasta que Syvanen predijo este mecanismo treinta y cuatro años después. Concepto que se ha ido desarrollando hasta la actualidad. Se ha documentado transferencia horizontal de genes no solo entre individuos de la misma especie, sino entre diferentes especies e incluso distintos filos. Hay traspasso de genes de bacterias a rotíferos, a hongos, eucariotas, etc., y no se trata de un proceso acotado a binomios concretos: hay genes de bacterias como *Wolbachia* (parásito que se transmite a través de la línea germinal del individuo infectado, pero que se puede encontrar en vida libre) que se han encontrado en eucariotas como insectos o nematodos. En virus, durante el empaquetamiento del genoma del fago, pequeños fragmentos de DNA bacteriano pueden ser empaquetados junto al genoma del virus. También puede ocurrir, que genes del fago se mantengan en el cromosoma bacteriano. No solo es un proceso común, sino que parece que han sido de gran importancia en la evolución de genomas celulares aportando «novedad genética». Se han encontrado genes víricos como parte de genes reguladores, codificadores de proteínas o intrones con un rol en la mayoría de los casos desconocido^[1].

Mecanismos de transferencia horizontal

Son varias las estrategias de transferencia horizontal que encontramos en la naturaleza, y es de enorme interés el estudio y comprensión de estos mecanismos -además de para aumentar nuestro conocimiento colectivo-, debido a que es la principal vía de expansión de los genes de resistencia a antibióticos. La importancia de esto es tal, que la Organización Mundial de la Salud lo ha calificado como uno de los principales retos del siglo XXI a nivel global. En un informe de 2013, los Centros para el Control y Prevención de Enfermedades -CDC- de Estados Unidos estimó que el gasto anual de los tratamientos derivados de las infecciones resistentes a los antibióticos ronda los 35.000 millones de dólares, además de 8 millones de días de hospitalización.

Se cree que la *conjugación* es el mecanismo de transmisión horizontal más común entre los procario-

tas. No se sabe si es por el uso de un pilus especializado (estructura de menor tamaño que un flagelo que puede tener función de transporte, adhesión o conjugación) o porque es el único mecanismo que no ha conllevado previamente a la muerte de la célula donante. Una vez se establece la unión a través del pilus de la célula donante y la receptora se produce el intercambio de material genético, éste material suele tener la característica de ser un elemento móvil, como un transposón (conocidos como *genes saltarines*) o un plásmido.

El proceso de *transducción* es el más utilizado en investigación. La forma de transmitir la información genética es mediante la acción de un virus, que en el proceso de replicación y empaquetamiento puede englobar genes bacterianos. Estos genes se integran cuando el bacteriófago infecta una nueva bacteria, y si el virus entra en el ciclo lisogénico puede mantenerse a lo largo de múltiples generaciones.

Cuando una bacteria muere y su pared celular se rompe libera al medio todo su interior que pasa a estar disponible para otras bacterias del entorno. Si una bacteria incorpora ADN desnudo exógeno a través de la membrana, dando lugar a un cambio genético estable del genoma que finalmente permita expresar uno o varios genes, hablamos de un proceso conocido como *transformación*. Recientemente y debido a su importancia ha surgido el concepto *resistoma* para denominar al conjunto de genes de resistencia a antibióticos y sus precursores que poseen las bacterias en un medio determinado (y que, por tanto, otras pueden incorporar), propuesto en 2007 por G. Wright, investigador y profesor en Canadá. Tanto la competencia como la transformación pueden ser naturales o artificiales. Cuando se realizan procesos de transformación en células eucariotas (en laboratorio) se le denomina *transfección*, para lo que se pueden utilizar numerosas técnicas que consiguen una permeabilización controlada de las paredes bacterianas mediante pulsos eléctricos como la electroporación, tratamientos químicos como el llevado a cabo con fosfato cálcico, o procesos más sofisticados como la magnetofección, en los que se utilizan campos magnéticos.

Implicaciones de la transferencia horizontal

La utilidad de este proceso en la supervivencia de las bacterias es obvia. No obstante, no es tan sencillo de producirse ya que numerosos procesos limitan la transferencia, incorporación y estabilización de moléculas de ADN foráneo en bacteria. Las limitaciones de disponibilidad de ADN adaptativo en el ambiente,

el desarrollo de competencia bacteriana, la especificidad de la adquisición del ADN, o la propia falta de similitud del ADN son algunos de los factores que influyen en que los procesos comentados anteriormente no culminen con éxito^[2].

Es importante señalar que los eventos de transmisión horizontal observados en el laboratorio están rara vez vinculados a la población en sí, ya que se tienen en cuenta los distintos parámetros y otras consideraciones espacio-temporales. En la naturaleza, los genomas bacterianos están en un constante estado de cambio y cualquier segmento de ADN en una población bacteriana grande puede ser susceptible de transferirse horizontalmente. Sin embargo, debido a las numerosas limitaciones solamente una pequeña proporción del ADN transferido entre especies es probable que se mantenga a través de las generaciones.

Algunas instituciones (como Greenpeace) alertan del riesgo que suponen los cultivos transgénicos –modificados genéticamente– a causa de la posibilidad de que exista transferencia horizontal y apelan al principio de precaución para evitar su creación y posterior cultivo. Incluso hay autores^[3] que analizan de forma exhaustiva los posibles perjuicios de esta práctica de forma amplia y establecen relaciones riesgo/beneficio.

En contraposición, hay quien afirma^[4] que los riesgos del cultivo transgénico son exactamente los mismos que los que podemos encontrar en la agricultura tradicional, ya que la ingeniería genética es una «versión acelerada» del proceso de selección artificial que se ha realizado a lo largo de la historia. También están aquellos que consideran que no solo los cultivos transgénicos no son perjudiciales para el medio ambiente (más de lo que cualquier otro cultivo no transgénico pueda serlo), sino que además favorecen la sostenibilidad, e incluso que el cultivo de transgénicos tiene un efecto protector sobre los cultivos de alrededor o *efecto halo*^[5,6].

El *maíz Bt* es un transgénico que produce una toxina para evitar plagas como el taladro. Éste ha sido objeto durante muchos años y en la actualidad de críticas e informes contra su cultivo, destacando la lucha activa de Greenpeace. Esta proteína es producida de forma natural por la bacteria *Bacillus thuringiensis*, que es utilizado en cultivo ecológico,

por lo que el riesgo de transferencia horizontal del antibiótico se encuentra en cualquier suelo en el que esté presente esta bacteria.

Muchas estimaciones^[7] coinciden en que los eventos de transferencia horizontal de genes de plantas a bacterias son extremadamente raros, aunque algunos^[8] apuntan que todavía es necesario tener un conocimiento más preciso que nos permita realizar predicciones fiables de las posibles consecuencias de introducir nuevos genes en un ambiente abierto. Hay autores^[9] que critican algunos modelos utilizados y consideran que se obtienen tasas de transferencia más bajas que las que hay realmente presentes en la naturaleza.

Es difícil estimar el rol de este mecanismo en la naturaleza, aunque por lo pronto parece que es más importante de lo que se creía. ¿Podremos conocerlo todo sobre la transferencia horizontal? ¿Podría el ser humano aprovechar estos mecanismos en terapia génica, por ejemplo? Imaginad que en la situación de chico y chica pueden relacionarse a través de transferencia horizontal: «*Me gusta el color de tus ojos, ¿me lo das?*»

Referencias

- ¹Filée J y otros. The role played by viruses in the evolution of their hosts: a view based on informational protein phylogenies. *Research in Microbiology*. 2003.
- ²Thomas CM y Nielsen KM. Mechanisms of, and Barriers to, Horizontal Gene Transfer between Bacteria. *Nature Reviews Microbiology*. 2005.
- ³Young, T. *Organismos genéticamente modificados y bioseguridad*. IUCN. 2004.
- ⁴Conner AJ y otros. The release of genetically modified crops into the environment. *The Plant Journal*. 2003.
- ⁵Raymond-Park J y otros. The role of transgenic crops in sustainable development. *Journal of Plant Biotechnology*. 2011.
- ⁶Tabashnik BE. Communal Benefits of Transgenic Corn. *Science*. 2010.
- ⁷Schlüter K y otros. 'Horizontal' Gene Transfer from a Transgenic Potato Line to a Bacterial Pathogen (*Erwinia chrysanthemi*) Occurs—if at All—at an Extremely Low Frequency. *Nature Biotechnology*. 1995.
- ⁸Nielsen K y otros. Horizontal gene transfer from transgenic plants to terrestrial bacteria – a rare event?. *FEMS Microbiology Reviews*. 1998.
- ⁹Heinemann JA y Traavik T. Problems in monitoring horizontal gene transfer in field trials of transgenic plants. *Nature biotechnology*. 2004.

Escribir bien no cuesta trabajo

Marchando una de acentos

Todas las palabras en todos los idiomas tienen un **acento prosódico o léxico** sobre una (y solo una) sílaba en cada palabra, la **sílaba tónica**. En español tenemos muchas palabras que se distinguen por dónde cae la sílaba tónica:

cálculo/calculo/calculó
ánimo/animo/animó
crítico/critico/criticó

Puedes consultar una lista mucho más extensa en <https://es.answers.yahoo.com/question/index?qid=20091113083608AAQ70wL> para que veas lo importante que es seguir las reglas de acentuación para colocar el **acento ortográfico** (tilde) cuando y donde corresponda. También tenemos el **acento diacrítico** para diferenciar las palabras que se escriben y pronuncian igual, pero significan cosas distintas, como por ejemplo:

sí/si, donde/dónde, cual/cuál

Por desgracia, y sobre todo en el contexto científico (por no hablar de las redes sociales y la mensajería), se le resta importancia a las tildes por el simple motivo de que en inglés no se usan y les va bien, o de que resulta 'difícil' poner acentos con un teclado o con el móvil. Así que la nueva regla de considerar la *ye* una vocal y tildarla cuando proceda (*Yñigo* y *Aýna*) hará que alguno se rasgue las vestiduras. Vamos a ver unos casos de uso de las tildes que a más de uno sorprenderá.

Lo primero es que **las mayúsculas se acentúan** siempre que lo necesiten: *África, Ídolo, CARTÓN, CAPÍTULO, Ártico*, etc.

En cambio, **los monosílabos no se acentúan nunca**, salvo cuando haya que distinguirlos para no crear confusión mediante tilde diacrítica:

si/sí, el/él, tu/tú, mas/más, te/té

Ojo, que **ni *ti* ni *di* llevan acento nunca**. Desde 2010, tampoco se acentúan *guion, prion, truhan, friais, liais, frio, lie, lio*, pero sí *frío, líe, lío*, que son llanas al deshacerse el diptongo. Nunca se han acentuado ni se acentuarán los monosílabos *fe, fue, dio* y *vio*.

Desde 2010, **los demostrativos ya no se acentúan** ni tan siquiera cuando funcionan como pronombres (*este, ese, aquel* y sus derivados). Las formas neutras *esto, esto* y *aquello* nunca se acentuaron ni se acentuarán.

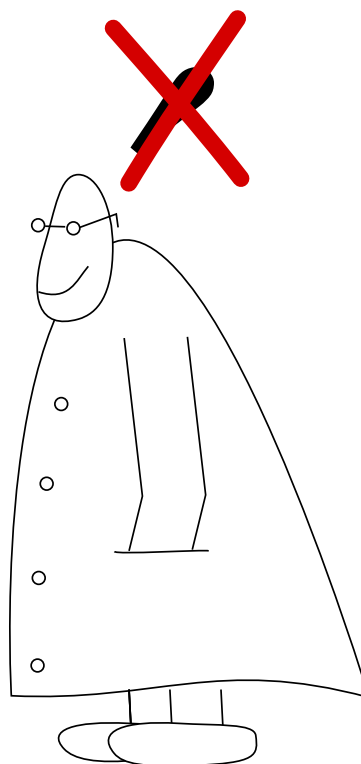
Se siguen acentuando los adverbios interrogativos y exclamativos (*cuál, cuándo, dónde, quién, cómo*) para distinguirlos de su función como adverbio relativo.

Solo ya no se tildará nunca, ni tan siquiera cuando haya ambigüedad. En tal caso, se recomienda cambiarlo por *únicamente* o *solamente*, o bien rehacer la frase.

La **o entre números** tampoco llevará tilde diacrítica porque es imposible confundirla con un 0 en un texto escrito por ordenador: te lo habrán dicho *100* o *200* veces. Recuerda que si el segundo número empieza por *o*, habrás de sustituirla por *u*: *80* u *81*.

Las **formas verbales** *hubierais, cubrieseis, fuerais, dieseis* y similares se escriben sin tilde porque son llanas acabadas en *s*. Date cuenta que si las divides en sílabas, obtienes *hu-bie-rais, cu-brie-seis, fue-rais, die-seis*. Pero sí llevan acento, por ser agudas acabadas en *s*, *ligáis* (*li-gáis*), *presentáis* (*pre-sen-táis*), *argumentáis* (*ar-gu-men-táis*), *coméis* (*co-méis*), etc. Las formas verbales con pronombres enclíticos llevan tilde o no de acuerdo con las normas generales de acentuación:

cayó → *cayose*, *da* → *dale* y *dáselo*,
mira → *mírame*, *está* → *estate*,
acabó → *acabose*, *pon* → *ponme*.



Profesional de la ciencia sin tilde.

Los sustantivos que designan a un profesional de una ciencia acabada en «-ía» se forman con **el sufijo -iatra**, sin acentuar (no con ⊗-íatra):

geriatría → *geriatra*,
pediatría → *pediatra*,
fisiatría → *fisiatra*,
foniatría → *foniatra*.

Las **palabras acabadas en -lisis y -fago** son esdrújulas: *análisis, bacteriófago, catálisis, coprófago, epifisiólisis, filófago, galactófago, hematófago, lipólisis, necró-*

fago, necrólisis, proteólisis, trombólisis y otras muchas más. Hay unas poquitas en las que se ha acabado aceptando también la forma llana:

autólisis/autolisis, electrólisis/electrolisis, fibrinólisis/fibrinolisis, fotólisis/fotolisis, glucólisis/glucolisis, hemólisis/hemolisis, hidrólisis/hidrolisis, pirólisis/pirolisis.

Y todo esto no es más que un aperitivo de lo que va a venir en las próximas entregas sobre acentos.

Para saber más:

[Ideas, reglas y consejos para traducir y redactar textos científicos](#)
[El nanoblog del Gonz](#)

M. GONZALO CLAROS

EL OLIVO COMO FUENTE DE ALÉRGENOS

por ROSARIO M^a CARMONA MUÑOZ

ESTUDIANTE DE DOCTORADO EN LA UNIVERSIDAD DE MÁLAGA, GRUPO DE BIOLOGÍA REPRODUCTIVA DE PLANTAS

DEPARTAMENTO DE BIOQUÍMICA, BIOLOGÍA CELULAR Y MOLECULAR DE PLANTAS

ESTACIÓN EXPERIMENTAL DEL ZAIDÍN, CSIC (GRANADA)

ROSARIOCARMONA@UMA.ES

Palabras clave: Alergia, alérgenos, panalérgenos, polinosis, olivo, polen

Enviado: 1 junio 2016. *Aceptado:* 17 junio 2016

Las polinosis, alergias al polen, suponen un gran problema de salud pública. En Andalucía destaca la provocada por el olivo debido a que ocupa una gran parte del suelo cultivado en nuestra región. Ya se han identificado 12 alérgenos en el polen de olivo, pero los alergogramas presentan hasta 20 bandas de reacción, lo que indica que aún faltan alérgenos por identificar. Aunque probablemente los que no conocemos sean alérgenos menores, se ha comprobado estos disparan a veces su prevalencia cuando la concentración de polen es muy alta (en los peores momentos podemos encontrar hasta 5000 granos/m³), con lo que pasan considerarse alérgenos mayores. Por si no fuera suficiente, muchos alérgenos son proteínas muy conservadas entre especies, por lo que se convierten en panalérgenos. Por tanto, está claro que debemos seguir buscando nuevos alérgenos de olivo y nuevas isoformas que permitan establecer tratamientos antialérgicos personalizados más eficaces.

Pollinosis—allergy to pollen—is a major public health issue. The one caused by olive pollen stands out in Andalusia, where this plant is widely cultivated. To date, twelve olive pollen allergens have been identified and characterised; however, allergograms show up to twenty reactive bands, which means that new allergens are yet to be identified. Although these unknown allergens are likely to be minor allergens, it has been reported that their prevalence increases with high levels of airborne pollen (higher than 5000 grains/m³ in the worst cases), turning them into major allergens. Furthermore, many allergens are highly conserved proteins among species, then considered as pan-allergens. It is therefore clear that the seek for new olive allergens and isoforms should continue in order to design more personalised and effective immunotherapeutic treatments..

Qué son las alergias

Las enfermedades alérgicas suponen un importante problema de salud pública cada vez más extendido en los países desarrollados, donde afectan a más de un 25% de la población. A pesar de ello, el gran desconocimiento que aún existe al respecto ocasiona carencias en su diagnóstico y tratamiento, lo cual repercute en la calidad de vida de los pacientes.

La alergia consiste en una respuesta desproporcionada del sistema inmunitario al identificar como dañinas determinadas moléculas (alérgenos) de carácter inocuo. Existen fuentes alérgicas muy variadas: pólenes, ácaros, alimentos, fármacos, frutos secos, látex, etc. El contacto con ellos dispara la producción de anticuerpos como la IgE (inmunoglobulina E), que inducen a su vez la liberación de sustancias como la histamina, causantes de los síntomas indeseados: rinitis, conjuntivitis, dermatitis, asma y, en el caso más extremo, la anafilaxia, que puede llegar a ser mortal.

Además del tratamiento con antihistamínicos y otros medicamentos para mitigar los síntomas, se recurre a la inmunoterapia específica (vacunas), que consiste en administrar los alérgenos cada cierto tiempo para que disminuya la hipersensibilidad a estas sustancias, con lo que se alivian, e incluso eliminan, los síntomas.

Alergia al polen de olivo

Las alergias producidas por polen se denominan *polinosis*. En nuestra región destaca la causada por el olivo (*Olea europaea L.*), al tratarse de una especie que se cultiva en grandes extensiones de terreno. Es un árbol perenne originario de Asia Menor perteneciente a la familia *Oleaceae*, muy extendido en la cuenca mediterránea y en algunas áreas de América, Sudáfrica y Australia. Además de su importancia por la producción de aceite de oliva, aceituna de mesa y madera, supone la principal causa de sensibilización por polen en gran parte de Andalucía y Castilla la

Mancha, y la segunda más importante en España (alrededor del 60% de los pacientes alérgicos al polen) tras la alergia al polen de gramíneas.



Figura 1. Flores de olivo cargadas de polen.

En nuestra latitud, el olivo florece durante los meses de mayo y junio y su polinización es anemófila. Su polen, fuertemente alérgico, es relativamente pequeño (alrededor de 30 µm). Puede permanecer mucho tiempo en suspensión en la atmósfera, donde alcanza altas concentraciones (hasta 5000 granos/m³). También es capaz de recorrer largas distancias. Ocasiona

una alergia de carácter estacional cuyos síntomas más frecuentes son rinoconjuntivitis y asma. Una vez que los granos de polen entran en contacto con la mucosa respiratoria, los alérgenos se liberan al cabo de tan solo minutos, lo cual explica la rápida aparición de los síntomas.

Alérgenos del olivo

Los alergogramas de extractos de polen de olivo muestran más de 20 bandas correspondientes a proteínas que se unen a IgE [1]. Sin embargo, hasta la fecha sólo se han descrito 12 alérgenos distintos en polen de olivo (Tabla 1) y recientemente uno en el fruto, lo cual hace sospechar que aún quedan alérgenos por identificar. Los alérgenos conocidos son proteínas de bajo peso molecular, muy hidrosolubles, con funciones biológicas claves en el grano de polen y un elevado grado de polimorfismo. La mayoría de estos alérgenos han sido clonados y producidos como proteínas recombinantes, lo cual ha permitido analizar total o parcialmente su estructura tridimensional y detectar los correspondientes epítomos (regiones de la secuencia del alérgeno reconocidas por el anticuerpo). No obstante, el análisis puntual de algunos de ellos muestra resultados contradictorios sobre los que habrá que profundizar todavía más.

ALÉRGENO	TEJIDO	FAMILIA	PREVALENCIA (%)	REACTIVIDAD CRUZADA
Ole e 1	Polen	Ole e 1-like	55-90	Oleaceae
Ole e 2	Polen	Profilina	24	Pólenes-alimentos-látex (Panalérgeno)
Ole e 3	Polen	Polcalcina	20-30	Pólenes (Panalérgeno)
Ole e 5	Polen	Cu/Zn superóxido dismutasa	35	ND
Ole e 6	Polen	ND	10-55	Oleaceae
Ole e 7	Polen	Proteína de transferencia de lípidos (LTP)	47	Oleaceae
Ole e 8	Polen	Proteína de unión a calcio	5	Oleaceae
Ole e 9	Polen	1,3-β-glucanasa	65	Pólenes-alimentos-látex
Ole e 10	Polen	Proteína de unión a carbohidratos (CBM-43)	55	Pólenes-alimentos-látex (Panalérgeno)
Ole e 11	Polen	Pectina metilesterasa	55-75	ND
Ole e 12	Polen	Isoflavona reductasa-like	ND	ND
Ole e 13	Fruto	Taumatina-like	ND	ND

ND.- No determinado

Tabla 1. Alérgenos identificados en polen y fruto de olivo. Adaptación de [4].

- *Ole e 1* es el alérgeno más importante (prevalencia superior al 50%), el primero purificado en olivo y el mejor caracterizado. Se trata de una proteína glucosilada, específica de polen a la que aún no le ha sido asignada una función biológica, pero muy similar a proteínas de otras especies involucradas en la hidratación y germinación del polen. Ha dado origen a la familia de proteínas similares a *Ole e 1*.
- *Ole e 2* pertenece a la familia de las profilinas, proteínas de bajo peso molecular que participan en la regulación de la polimerización de la actina.
- *Ole e 3* pertenece a la populosa familia de las polcalcinas (proteínas de unión a calcio), y codifica una forma específica de polen. Su función parece ser la de modular el flujo de calcio durante el crecimiento del tubo polínico.
- *Ole e 4* parece ser un producto de degradación de *Ole e 9*, con cuyo extremo amino presenta una gran similitud de secuencia.
- *Ole e 5* es un alérgeno menor (prevalencia inferior al 50%), identificado como una Cu/Zn superóxido dismutasa. Estas enzimas intervienen en la protec-

ción frente al estrés oxidativo, en la señalización celular y en la interacción entre el polen y el estigma durante el proceso reproductivo.

- *Ole e 6* es una proteína pequeña rica en residuos de cisteína que no presenta similitud significativa con otras proteínas.
- *Ole e 7* ha sido descrito como un homólogo de las proteínas de transferencia inespecífica de lípidos.
- *Ole e 8* es una proteína de unión al calcio, muy poco prevalente, y presente en muy poca cantidad en el polen. Podría funcionar como regulador de las rutas de transducción de señales. Tiene similitud de secuencia con *Ole e 3*, aunque solo en los dominios de unión a calcio.
- *Ole e 9* corresponde a una 1,3- β -glucanasa glucosilada. En su extremo carboxilo posee un dominio de unión a los glúcidos, y su extremo amino es el responsable de la actividad catalítica.
- *Ole e 10* también es una proteína de unión a los glúcidos, con una gran similitud con el extremo carboxilo de *Ole e 9*. Podría intervenir en la formación de la pared celular del tubo polínico durante la germinación.
- *Ole e 11* es una pectina metilesterasa, enzima ubicua implicada en la modificación de la pared celular y, por tanto, en muchos procesos biológicos, tales como la maduración y el desarrollo del tubo polínico durante la reproducción.
- *Ole e 12* es un alérgeno menor recientemente caracterizado, correspondiente a una isoflavona reductasa. En el polen, estas enzimas parecen participar en la germinación, el crecimiento del tubo polínico y, posiblemente, en el reconocimiento entre el polen y el estigma.
- *Ole e 13* es el único alérgeno descrito en el fruto de olivo hasta la fecha. Consiste en una proteína de tipo taumatina, involucrada en mecanismos de defensa frente a patógenos y en respuesta a estrés biótico o abiótico.

Aunque *Ole e 7*, *9* y *10* presentan una escasa incidencia clínica en las regiones donde hay poco polen de olivo en suspensión (alérgenos menores), su prevalencia se dispara cuando la concentración de polen es muy alta, con lo que pasan a ser entonces alérgenos mayores y provocan el agravamiento de los síntomas de la enfermedad. Algo parecido ocurre con *Ole e 6*, cuya prevalencia puede alcanzar el 50% en algunos casos.

Los alérgenos que presentan una elevada similitud de secuencia en las regiones correspondientes a los epítomos pueden ser reconocidos por los mismos anticuerpos y desencadenar reacciones alérgicas cruzadas. Suele darse entre especies relacionadas taxonómicamente. Así por ejemplo, el alérgeno *Ole e 1* de olivo presenta reactividad cruzada con otras especies de la familia Oleaceae, y los pacientes alérgicos a *Ole e 1* de olivo, suelen serlo también al fresno, aligustre, jazmín y otros.

Cuando los alérgenos son proteínas evolutivamente muy conservadas, con funciones vitales básicas y presentes en muchas fuentes biológicas, se cree que provocan reactividad cruzada entre especies no relacionadas entre sí. Estos alérgenos son llamados panalérgenos (del griego «*pan-*»: todo», por estar ampliamente distribuidos). El gran parecido entre determinados panalérgenos presentes a la vez en polen, alimentos vegetales e incluso látex origina un caso de reactividad cruzada que se ha llamado síndrome de alergia a pólen-látex-fruta, por el que una persona sensible a estos alérgenos puede presentar síntomas alérgicos, no sólo por exposición al polen, sino también al comer ciertas frutas o al entrar en contacto con productos derivados del látex. *Ole e 2* es un ejemplo de los panalérgenos más conocidos que ocasionan dicho síndrome, debido a su gran similitud con las profilinas presentes en el látex, en muchas frutas (melocotón, pera, melón, etc.) y en otros pólenes (abedul, fresno, etc.).



Figura 2. Flor de la variedad leccino.

El problema de la variedad

Se ha visto que las distintas variedades de olivo (alrededor de 250 sólo en España y más de 2000 en todo el mundo) presentan diferencias tanto en los niveles de expresión de los diferentes alérgenos, como en su grado de polimorfismo^[2]. Esto, unido a que los

pacientes suelen ser sensibles a diferentes combinaciones de los alérgenos, supone un serio inconveniente en la práctica clínica, pues los extractos de polen usados para diagnóstico y diseño de vacunas deben imitar en el mayor grado posible la composición de alérgenos a la cual quedan expuestos los pacientes en su entorno. Un diagnóstico o vacuna demasiado generales o poco precisos podrían conducir a tratamientos poco eficaces, reacciones adversas, o lo que es peor, una sensibilización secundaria a alguno de los componentes de la vacuna.

Resulta por tanto evidente que se necesitan una identificación y cuantificación precisas de las distintas isoformas de cada uno de los alérgenos, así como la caracterización de posibles alérgenos nuevos, no solo en olivo, sino en todas aquellas especies potencialmente alergénicas que puedan originar reactividad cruzada. Los grandes avances de los últimos años en campos como la genómica, la transcriptómica y la proteómica están proporcionando herramientas para progresar en esta tarea. En el caso particular del polen de olivo, en nuestro laboratorio estamos llevando a cabo un análisis exhaustivo de su transcriptoma para explorar

tanto la presencia de nuevas variantes de los alérgenos ya conocidos, como de alérgenos potencialmente nuevos, con el fin de arrojar un poco de luz sobre su complejo alergograma^[3]. Esta búsqueda parte de la premisa de que un mayor conocimiento al respecto mejorará el diagnóstico, a la vez que aumentará la eficacia de los tratamientos diseñados frente a esta extendida enfermedad.

Referencias

- ¹Villalba M y otros. The spectrum of olive pollen allergens. From structures to diagnosis and treatment. *Methods (San Diego, Calif.)* 66: 44-54, 2014.
- ²Alché JD y otros. Differential characteristics of olive pollen from different cultivars: biological and clinical implications. *J Investig Allergol Clin Immunol* 17, Supplement 1: 69-75, 2007.
- ³3. Carmona R y otros. In the search for non described olive tree allergens by transcriptome-mining. En: *The European Histamine Research Society 44th Annual Meeting. Inflamm. Res.* 64 (Suppl 1):S11, Springer, 2015.
- ²A4. Batanero E y otros. Olive pollen allergens: an insight into clinical, diagnostic and therapeutic concepts of allergy. En: *Olives and olive oil in health and disease prevention.* 1021-31, Elsevier, USA, 2010.

Encuentros con las novedades

Superbacteria: ¿el final del camino?



[Yi-Yun y otros (2015) en *The Lancet* y McGann y otros (2016) en *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*]. Como decía Jeff Goldblum en Parque Jurásico, «La vida siempre encuentra un camino»; en este caso, el camino hacia la resistencia frente a antibióticos. Durante los últimos años hemos visto como han ido apareciendo noticias sobre bacterias resistentes incluso frente a antibióticos considerados como último recurso, ejemplo de ello son las bacterias resistentes a meticilina, vancomicina, carbapenemas y más recientemente polymixina-E (colistina). Así pues, las bacterias no han dejado de hacer su trabajo, mientras que la gestión del nuestro es cuestionable. En noviembre de 2015, *The Lancet* publica la identificación en China de enterobacterias con el gen *mcr-1*, que confiere resistencia a polymixinas, en un plásmido *IncF*, vehículo para la diseminación de genes de virulencia y resistencia a antibióticos entre las enterobacterias. La relevancia de la noticia radica no ya en la aparición de resistencia a Colistina (uno de los últimos recursos en la lucha contra infecciones por bacterias Gram-negativas poliresistentes) sino en el mecanismo adoptado para incorporar dicha resistencia. Al haber sido incorporado el gen *mcr-1* en un plásmido *IncF* puede ahora transmitirse horizontalmente, favoreciendo la rápida propagación de este mecanismo de resistencia entre las enterobacterias. Por eso, no es extraño que en el momento actual, a tan sólo 7 meses de la identificación en China de dichas bacterias, ya se hallan detectado enterobacterias portadoras del gen *mcr-1* en muestras procedentes de comida, ganado y pacientes humanos en distintos puntos del mundo. Concretamente, la cepa de *E. coli* hallada el mes pasado en una paciente de Pensilvania, EEUU (paciente que no había salido del país en los últimos 5 meses), contiene 15 genes de resistencia

frente antibióticos en su ADN cromosómico, además de dos plásmidos en los que porta otros 15 genes de resistencia, entre los cuales se encuentran *mcr-1* y dos genes para la resistencia a Carbapenemas. ¿Qué hace posible la aparición de estos genes? Bueno, sólo hay que entender mínimamente los principios de la teoría de la evolución. Estas bacterias han estado sometidas a una presión de selección mediada por dosis sub-letales de estos antibióticos el tiempo suficiente como para permitir la aparición de cepas resistentes a todos ellos. Pero ¿cómo es esto posible, si los tratamientos con este tipo de antibióticos no se administran a pacientes hasta haber comprobado que es el último recurso? Pues es posible por el uso de estos antibióticos para la profilaxis y la promoción del crecimiento en explotaciones ganaderas, incluso aquellos antibióticos considerados de último recurso. Según los datos de la FDA del 2012, el 80% de los antibióticos empleados en EEUU se utilizaban en explotaciones ganaderas y, aunque estos datos son más difíciles de contrastar, se estima que esta cifra a nivel mundial es del 70%. A ello hemos de sumar que el desarrollo de antibióticos no es rentable para las empresas farmacéuticas y que la inversión en este tipo de medicamentos es escasa. Debemos recordar que el desarrollo y aplicación de antibióticos fue una de las causas que permitió la expansión de población humana que conocemos actualmente, así pues, quizás sea el momento de atender a la Reina Roja y empezar a correr, a correr lo más rápido posible sólo para poder permanecer en el sitio, pues las bacterias nunca cesarán en la carrera por la adquisición de mecanismos de resistencia con los que defenderse de nuestros ataques.

Transferencia directa de electrones entre microbios sintróficos

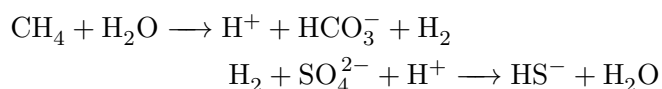
[McGlynn y otros y Wegener y otros ambos en *Nature* 526 2015]. Las comunidades microbianas que habitan ambientes anaeróbicos frecuentemente se organizan formando consorcios multispecíficos mutualistas, donde la intervención cooperativa de los diferentes miembros resulta imprescindible para asegurar el flujo de energía y el reciclado de la materia en la asociación. Trabajando en régimen cooperativo, los microorganismos anaeróbicos son incluso capaces de conseguir que se produzcan reacciones redox que serían termodinámicamente imposibles de forma aislada (mutualismo sintrófico). Este es el caso de la oxidación anaeróbica del metano, un proceso microbiano con importantes implicaciones globales, ya que reduce en gran medida las emisiones de este potente gas de efecto invernadero desde los sedimentos oceáni-

cos hacia la atmósfera. El proceso lo lleva a cabo un consorcio mutualista sintrófico constituido por arqueas metanotróficas anaeróbicas (aunque en realidad parece que se trata de arqueas metanogénicas que trabajan en forma reversa) y bacterias sulfatorreductoras, y se localiza en una estrecha franja del sedimento oceánico donde coincide la presencia simultánea de metano y sulfato. Las bacterias sulfatorreductoras son incapaces de usar directamente el metano, y las arqueas necesitan poder oxidante, que no pueden obtener por si solas del sulfato. Se establece entonces el acoplamiento estos dos tipos metabólicos, de modo que consiguen transportar los electrones necesarios, actuando finalmente el metano como agente reductor para la sulfatorreducción. La reacción global del proceso es:



con $\Delta G^0 = -20 \text{ kJ/mol}$.

Hasta ahora, se consideraba que los electrones se transferían desde la arquea metanotrófica a la bacteria sulfatorreductora a través de un compuesto intermediario, típicamente el hidrógeno, y que la reacción global sería posible por el acoplamiento de dos reacciones parciales sintróficas, la primera a cargo de la arquea y la segunda por la sulfatorreductora:

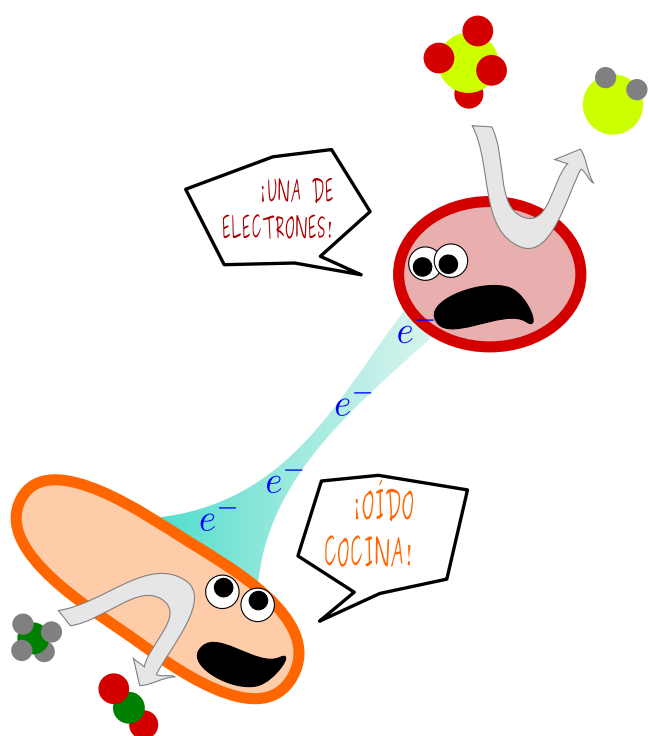


Sin embargo, los artículos referidos en la cabecera, publicados simultáneamente en la revista *Nature*, han cambiado esta visión tradicional.

En el primero, McGlynn y su grupo plantea que si el funcionamiento del proceso sintrófico estuviera basado en la difusión del hidrógeno, debería existir un íntimo contacto físico entre arqueas y bacterias sulfatorreductoras, y estas células deberían estar bien mezcladas dentro del consorcio, maximizando de esta forma su contacto. No obstante, la observación reiterada de asociaciones sintróficas oxidadoras de metano ha demostrado que, por el contrario, dentro del consorcio existe una notable segregación espacial entre arqueas y bacterias. Con el objetivo de resolver esta aparente paradoja, estos autores han utilizado aproximaciones experimentales y de modelado sobre un conjunto de consorcios microbianos muy diversos desde el punto de vista estructural. Sus resultados han demostrado que la actividad del consorcio no está relacionada con la distribución espacial de las células, ni tampoco con la distancia relativa entre arqueas y bacterias en la asociación, y proponen que el mecanismo de transferencia de electrones entre los socios del consorcio debe ser independiente de la difusión de compuestos intermediarios como el hidrógeno.

Como conclusión de su estudio, sugieren que sólo la transferencia directa de electrones entre arqueas y bacterias puede explicar el adecuado funcionamiento de esta sintrofia, y añaden que este proceso independiente del hidrógeno aporta una mayor estabilidad del sistema frente a cambios y perturbaciones ambientales.

En el segundo, Wegener y sus colaboradores han demostrado que, efectivamente, en los consorcios responsables de la oxidación anaeróbica del metano existe una transferencia directa de electrones entre los microorganismos asociados, sin que sea necesaria la participación de hidrógeno como compuesto intermediario en la translocación. Según lo expuesto en este trabajo, los electrones viajan directamente desde las arqueas a las bacterias sulfatorreductoras a través de unas estructuras extracelulares tipo *pili*, hoy conocidas como *nanohilos* (o «nanowires»), que conectan como cables microscópicos a los miembros del consorcio, formando una densa red. El análisis genómico del consorcio ha revelado que las bacterias sulfato-reductoras presentan los genes responsables de la biosíntesis de estos nanohilos. Además, las pruebas de microscopía electrónica realizadas han confirmado que las arqueas y bacterias del consorcio se encuentran conectadas mediante redes de nanohilos. Estos nanohilos tienen un diámetro medio de aproximadamente 10 nanómetros, y su longitud puede ser de más de un micrómetro, esto es, muy superiores al tamaño medio de las células implicadas en la red sintrófica. Además, sobre la base de razonamientos termodinámicos y estequiométricos, estos autores afirman que el hidrógeno producido por las arqueas metanotróficas es insuficiente para mantener el funcionamiento del consorcio sintrófico, y que sólo la transferencia directa de



electrones, mucho más rápida y eficiente que la difusión de compuestos químicos, puede hacerlo.

A la vista de estas novedades, quizá deberíamos considerar a estos consorcios multiespecíficos de células procariotas mutualistas, interconectadas por conductores de impulsos eléctricos, como auténticos organismos multicelulares. En el mundo microbiano, que constituye

la mayor parte de la Biosfera, los conceptos de especie e individuo pierden relevancia, los límites de los organismos son también relativos y difusos, y las comunidades sólo funcionan si todos sus componentes coordinan sus funciones. En este contexto, resulta obligado considerar al mutualismo como factor clave en el desarrollo y evolución de los ecosistemas.

RAÚL MONTAÑEZ MARTÍNEZ Y ENRIQUE MORENO OSTOS

eb

Ámbito y política editorial

La revista *Encuentros en la Biología* (ISSN 1134-8496) es una revista de divulgación científica con carácter interdisciplinar, está editada por la Universidad de Málaga y publica periódicamente (primavera, verano, otoño, invierno) aquellas contribuciones originales que se enmarcan en un ámbito de encuentro entre las ciencias biológicas y las demás fuentes de conocimiento científico; esto es, conocimiento testado experimentalmente y avalado al menos por una fuente primaria de documentación. Aceptará también la edición de biografías de autores relevantes, de reseñas de libros y trabajos especializados, de imágenes para la portada, la sección «La imagen comentada» y otras secciones especializadas, así como noticias, comunicaciones y eventos relacionados con la biología. La editorial valorará positivamente la contribución de los trabajos en un formato ameno y accesible para estudiantes y profesores de todas las áreas de la biología, al igual que la presentación de las últimas novedades científicas en este área.

Encuentros en la Biología es un foro de difusión abierto para todas aquellas personas que estén interesadas en enviar sus aportaciones. Las contribuciones así presentadas deberán ajustarse a la política editorial y a las normas que a continuación aparecen como «Instrucciones para los Autores». La revista se reserva el derecho a realizar cuantas modificaciones en forma y diseño estime oportunas.

Instrucciones para los autores

1. Todas las contribuciones presentadas deberán ser inéditas o contar con la autorización expresa del organismo que posea los derechos para su reproducción, en cuyo caso la edición incluirá la referencia de su autoría. Los manuscritos recibidos serán además sometidos a revisión con medios técnicos para detección de plagios.
2. Cada contribución constará de un título, el nombre completo del autor o autores, su afiliación (institucional, académica o profesional), su dirección postal, correo electrónico y teléfono. Para distinguir la afiliación de diferentes autores utilice símbolos (*, †, ‡, §, ¶, etc.) después del nombre de cada uno.
3. El documento se puede enviar en formato txt, rtf, sww/odt (OpenOffice/LibreOffice), doc/docx (MS-Word) o tex (L^AT_EX). Debido a las restricciones de espacio, la extensión no debe superar las 1600 palabras; en caso contrario, el editor se reserva el derecho a dividirlo en varias partes que aparecerían en números distintos.
4. Los nombres de las proteínas se escribirán en mayúsculas y redondilla (ABC o Abc). Los de genes y especies aparecerán en cursiva (*ABC*, *Homo sapiens*). También se pondrán en cursiva los términos que se citen en un idioma distinto al castellano.
5. Los autores que no sean castellanohablantes pueden remitir sus manuscritos en inglés. Una vez aceptado, el equipo editorial elaborará un resumen en castellano.
6. Las tablas, figuras, dibujos y demás elementos gráficos deberán adjuntarse en ficheros independientes. Cuando sea posible, utilice el formato vectorial no propietario pdf, svg, eps o ps. En caso de fotografías o figuras tipo *bitmap* se pueden enviar en formato jpg, tif o png con una resolución mínima de 300 ppp. Existe la posibilidad de incorporar breves animaciones en formato gif a baja resolución.
7. Las referencias bibliográficas se citarán dentro del propio texto, numeradas por orden de aparición. Al final del mismo, se incluirá la sección de *Bibliografía* o *Referencias* de acuerdo con el estilo del siguiente ejemplo:
 - Einstein Z y Zwestein D. Spatial integration in the temporal cortex. *Res Proc Neurophysiol Fanatic Soc* 1: 45-52, 1974.
 - Sóbol I. *Método de Montecarlo*. MIR, Moscú. 1976.
 Si hay más de dos autores, se citará el primero seguido de «y otros». Si el texto principal no incluye referencias bibliográficas, se ruega a los autores que aporten 3-4 referencias generales «para saber más» o «para más información».
8. Se anima a contribuir a la sección *la imagen comentada* con imágenes originales o de libre distribución (300 ppp de resolución como mínimo) acompañadas en documento aparte con un breve comentario de unas 300 palabras relacionado con la misma (descripción, información, técnica, etc.).
9. Se considerará cualquier contribución para las distintas secciones de la revista.
10. Envío de contribuciones: el original se enviará por correo a los coeditores o a cualquier otro miembro del comité editorial que consideren más afín al tema de la contribución. Como último recurso, se pueden enviar por correo postal acompañados de un CD. No se devolverá ningún original a los autores.
11. La aceptación de todas las contribuciones se hará a petición de los miembros del equipo editorial, manteniendo en todo caso los co-editores la decisión final sobre la misma. También se podrá sugerir al autor mejoras formales o de contenido para adaptar el artículo al perfil de la revista. La notificación se enviará por correo electrónico al autor que figure como corresponsal.