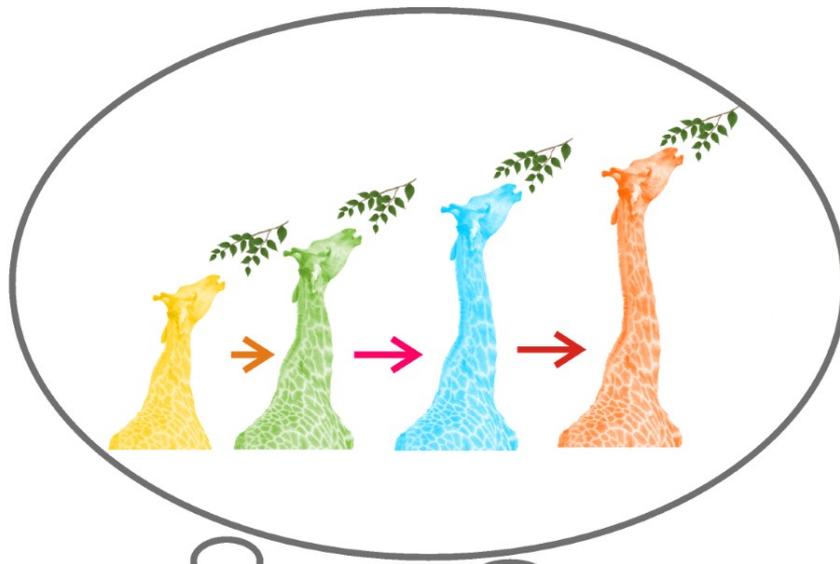


# Encuentros en la **b**iología



Islas Chafarinas

Catepsinas en vertebrados

Huellas de homínidos de  
Álora

Vol XII | No 167  
PRIMAVERA | 2019

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

**Entidad editora:**

Universidad de Málaga. EDITADA CON LA COLABORACIÓN DE LA UNIDAD DE IGUALDAD DE GÉNERO DE LA UMA, DEL INSTITUTO DE HORTOFRUTICULTURA SUBTROPICAL Y MEDITERRÁNEA "LA MAYORA" (IHSM-UMA-CSIC) Y EL DECANATO DE LA FACULTAD DE CIENCIAS

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:**

JUAN ANTONIO PÉREZ CLAROS  
DEPARTAMENTO DE ECOLOGÍA  
FACULTAD DE CIENCIAS  
UNIVERSIDAD DE MÁLAGA  
29071 - MÁLAGA

[ENCUENTROSENLABIOLOGIA@UMA.ES](mailto:ENCUENTROSENLABIOLOGIA@UMA.ES)

EQUIPO EDITORIAL

COEDITORES

- Juan A. Pérez Claros  
[johnny@uma.es](mailto:johnny@uma.es)  
Paleontología  
*Encuentros con las novedades.*
- Ana Grande Pérez  
[agrande@uma.es](mailto:agrande@uma.es)  
Genética-virología,  
Patogénesis virales.  
*Jóvenes científicos.*

COMITÉ EDITORIAL EJECUTIVO

- Antonio Diéguez  
[dieguez@uma.es](mailto:dieguez@uma.es)  
Filosofía de la ciencia  
*A debate, reseñiones*
- Beatriz Martínez  
Poveda  
[bmpoveda@uma.es](mailto:bmpoveda@uma.es)  
Biología molecular del  
cáncer y enfermedades  
cardiovasculares
- Enrique Viguera  
[eviguera@uma.es](mailto:eviguera@uma.es)  
Genética y genómica  
*Eventos especiales*
- Francisco José Villena  
[francis.villena@icloud.com](mailto:francis.villena@icloud.com)  
*Jóvenes científicos*
- José M<sup>a</sup> Pérez Pomares  
[jmperezp@uma.es](mailto:jmperezp@uma.es)  
Biología del desarrollo y  
cardiovascular

*Entrevistas*

- Héctor Valverde Pareja  
[hvalverde@uma.es](mailto:hvalverde@uma.es)  
Biología evolutiva  
molecular  
*Maquetación y difusión*
- M. Gonzalo Claros  
[claros@uma.es](mailto:claros@uma.es)  
Bioquímica, biología  
molecular y  
bioinformática.  
*Escribir bien no cuesta  
trabajo*
- Miguel Á. Medina  
Torres  
[medina@uma.es](mailto:medina@uma.es)  
Biología molecular y de  
sistemas, biofísica y  
bioquímica  
*Monitor*
- Ramón Muñoz-Chápuli  
[chapuli@uma.es](mailto:chapuli@uma.es)  
Biología del desarrollo y  
cardiovascular  
*Coordinación de la  
edición electrónica, foros  
de la ciencia*

COMITÉ EDITORIAL ASOCIADO

- Alicia Rivera  
[arivera@uma.es](mailto:arivera@uma.es)  
Neurobiología y  
enfermedades  
neurodegenerativas
- Belén Delgado Martín  
[belendm@uma.es](mailto:belendm@uma.es)

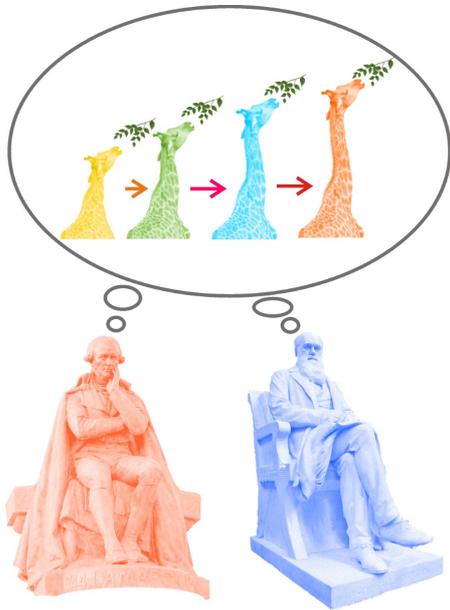
- Bioquímica y Biología  
Molecular. *Maquetación*
- Jesús Olivero  
[jesusolivero@uma.es](mailto:jesusolivero@uma.es)  
Zoogeografía y  
biodiversidad animal
- José Carlos Dávila  
[davila@uma.es](mailto:davila@uma.es)  
Biología celular y  
neurobiología
- Juan Antonio Guadix  
Domínguez  
[jaguadix@uma.es](mailto:jaguadix@uma.es)  
Desarrollo embrionario,  
diferenciación celular y  
biología de células  
madre
- Juan Carlos Codina  
[jccodina@uma.es](mailto:jccodina@uma.es)  
Microbiología,  
educación secundaria
- Luis Díaz Martínez  
[luisdiaz@uma.es](mailto:luisdiaz@uma.es)  
Biotecnología y  
bioinformática
- Luis Rodríguez Caso  
[caso@eelm.csic.es](mailto:caso@eelm.csic.es)  
Técnicas de laboratorio
- Margarita Pérez Martín  
[marper@uma.es](mailto:marper@uma.es)  
Fisiología animal,  
neurogénesis
- María Rosa López  
Ramírez  
[mrlopez@uma.es](mailto:mrlopez@uma.es)  
Química física,

- astronomía
- Raúl Montañez  
Martínez  
[raulmm@gmail.com](mailto:raulmm@gmail.com)  
Biología sintética y de  
sistemas
- Rafael Antonio Cañas  
Pendon  
[rcanas@uma.es](mailto:rcanas@uma.es)  
Biología Molecular de  
plantas
- A. Victoria de Andrés  
Fernández  
[deandres@uma.es](mailto:deandres@uma.es)  
Biología animal aplicada  
*Directora de Ciencia  
Sin Límites*
- Silvana Teresa Tapia  
Paniagua  
[stapia@uma.es](mailto:stapia@uma.es)  
Microbiota y probióticos.  
*Maquetación*
- Elena Rojano Rivera  
[elenarojano@uma.es](mailto:elenarojano@uma.es)  
Bioinformática y  
biología de sistemas.  
*Maquetación.*

COMITÉ EDITORIAL DE HONOR

- Esteban Domingo  
[edomingo@cbm.uam.es](mailto:edomingo@cbm.uam.es)  
Evolución de virus
- Gonzalo Álvarez Jurado  
[g.alvarez@usc.es](mailto:g.alvarez@usc.es)  
Genética

## La portada



Tanto Darwin como Lamarck creían en la herencia de caracteres adquiridos por uso y desuso. En nuestra editorial le dedicamos una pequeña reflexión al respecto.

Ilustración realizada por J.A. Pérez-Claros

## Índice

Editorial	3
La imagen comentada	4
Diversificación evolutiva de los genes de cisteínas en vertebrados	5
Encuentros con las novedades	10
Mujeres STEM@UMA	13
Crónica de la última gran expedición	18
Huellas de homínidos de Álora	26
Jóvenes científicos	30
Escribir bien no cuesta trabajo: Los prefijos van pegados a la raíz	31

## Editorial

Los años terminados en 9 siempre pueden ser objeto de celebración (más o menos forzada) para la Biología Evolutiva. Baste recordar que en 1809 se publica la primera teoría verdaderamente evolucionista en la *Filosofía Zoológica* de Lamarck (evento que además coincide con el nacimiento de Darwin) y que en 1859 Darwin publica su obra magna. El presente año, por lo tanto, es el 160 aniversario de la publicación del *Origen de las especies* y el 210 de la *Filosofía Zoológica*, lo cual nos brinda la excusa para una reflexión sobre un aspecto común del pensamiento de ambos autores: la herencia de los caracteres adquiridos por uso y desuso, asunto más vulgarmente conocido como el «alargamiento del cuello de la jirafa».

Si leyendo una obra anónima nos encontrásemos con el siguiente párrafo: «[...] creo que no puede caber duda que el uso ha fortalecido y desarrollado ciertos órganos en los animales domésticos, de que el desuso

los ha hecho disminuir y de que las modificaciones son hereditarias», un conjunto no pequeño de biólogos (incluyendo muchos profesionales) lo atribuirían a Lamarck. Sin embargo está tomado literalmente del *Origen*, concretamente del primer apartado del capítulo V titulado *Efectos del mayor uso y desuso de los órganos en cuanto están sometidos a la selección natural*. La herencia de los caracteres adquiridos por uso y desuso ha sido atribuida hasta la saciedad a Lamarck enfrentándola a la «herencia darwiniana», pero era una idea común en la época, en cuya validez también creía Darwin. Es más, ni siquiera constituye un elemento distintivo y esencial en la teoría de Lamarck, donde el eje principal es su factor interno, verdadero motor del cambio evolutivo. Por el contrario, tras la crítica de Jenkin a Darwin sobre la cuestión de la herencia mezclada, este elemento toma una renovada fuerza en el pensamiento darwinista como una tabla de salvación para la no dilución de las

variantes más eficaces, pero poco frecuentes, en el seno de las poblaciones.

Habría que rastrear el origen de esta confusión tan extendida, aunque sin duda el neodarwinismo tuvo mucho que ver, en un intento, por otro lado bastante logrado, de lavar la cara a Darwin, a expensas del destartado Lamarck. Es por ello por lo que en la portada del presente número de *Encuentros*, se ha representado la similitud del pensamiento de Lamarck y Darwin respecto a la herencia de los caracteres adquiridos por uso

y desuso.

Es tanto lo que hay, que recurrir a clichés es casi obligado para tener una idea general de la Biología. Pero cuando el cliché es además falso es también casi obligado desmentirlo por parte de aquellos que, al menos por proximidad, recurren a las fuentes directas. Este, querido lector, es el empeño que tenemos desde las páginas de esta revista.

eb

---

## *La imagen comentada*

---



Crédito de la imagen: Angélica Rosales

En algunas costas de Venezuela es posible apreciar estos árboles (o arbustos) de hasta 15 metros de altura, el mangle rojo (*Rhizophora mangle* L.), denominado así debido al color rojizo al rasgar su corteza. Es inevitable resaltar no solo el tamaño de las hojas y del fruto, sino también las raíces aéreas que acompañan a los troncos en su parte basal, permitiendo una adaptación de anclaje al suelo fangoso, y que además poseen poros que ayudan al intercambio de gases y nutrientes. Asimismo, presenta una serie de características primordiales para la estabilidad de la línea costera, el ecosistema y la heterogeneidad de especies. Pueden ser utilizados como especie pionera en la reforestación de costas, ayudando a la restauración del suelo, fuente relevante de recursos naturales. De igual manera, es un lugar de refugio de numerosos organismos, tales como invertebrados bentónicos, isótopos que viven en las raíces<sup>[1]</sup>, de microambientes estables para el aislamiento de hongos marinos generadores de metabolitos que poseen propiedades bioactivas<sup>[2]</sup>, y de hábitat de plantas hemiparásitas, cangrejos y aves como el mielero manglero (*Conirostrum bicolor*), el gavilán cangrejero (*Buteogallus anthracinus*) y el corocoro rojo (*Eudocimus ruber*)<sup>[3]</sup>, entre otros. Este último se muestra en la imagen adjunta, donde lo rojo no son manchas

ni hongos del mangle rojo, sino estas aves, llamadas también ibis colorada, corocoro colorado, ibis escarlata, garza roja y coracora, por su colorido plumaje. Presentan un pico curvado, y plumaje blanco y castaño en los individuos jóvenes.

Eloy León (Licenciado en Educación Mención Biología, Profesor de Biología y Ciencias Naturales del Ciclo Diversificado Udón Pérez). [eloyleonm@gmail.com](mailto:eloyleonm@gmail.com)

Angélica Rosales (Licenciada en Comunicación Social Mención Periodismo Audiovisual. Área de Administración en La Universidad del Zulia). [angelicamrz29@gmail.com](mailto:angelicamrz29@gmail.com)

## Referencias

- [1] Medina P y otros. Isópodos en raíces de mangle rojo (*Rhizophora mangle* L.), en la isla San Carlos, estado Zulia, Venezuela. *Boletín del Centro de Investigaciones Biológicas*, 39(1), 2005.
- [2] Castillo–Machalskis L y otros. Actividad antifúngica de extractos crudos de hongos marinos aislados de raíces del mangle rojo (*Rhizophora mangle* L.) *Boletín del Centro de Investigaciones Biológicas*, 40(1), 2006.
- [3] García M y otros. Avifauna terrestre del bosque de manglar del refugio de fauna silvestre Ciénaga de los Olivitos, Venezuela. *Boletín del Centro de Investigaciones Biológicas*, 42(4), 2008.

## DIVERSIFICACIÓN EVOLUTIVA DE LOS GENES DE CATEPSINAS EN VERTEBRADOS

por CARMEN GÓMEZ-VERGARA, GUILLERMO THODE

ÁREA DE GENÉTICA, UNIVERSIDAD DE MÁLAGA, 29071 - MÁLAGA (ESPAÑA)

[CARMENGOMVER@GMAIL.COM](mailto:CARMENGOMVER@GMAIL.COM)

Palabras clave: genes parálogos, evolución molecular, duplicación, filogenia de catepsinas  
 Keywords: paralog genes, molecular evolution, duplication, phylogeny of cathepsins

Enviado: 19/03/2019  
 Aceptado: 23/03/2019

Los genes parálogos son un claro ejemplo de duplicaciones y fuente de diversificación en la evolución de los genomas de los seres vivos. Como muestra de ello, se ha llevado a cabo un estudio de los genes *CTS*, que dan lugar a las enzimas proteolíticas llamadas catepsinas. Tras la búsqueda en bases de datos bibliográficas y de secuencias moleculares, se ha intentado clarificar la confusa información sobre estos genes y analizar las relaciones filogenéticas entre las secuencias aminoacídicas de estas proteínas con el fin de identificar los procesos que han podido intervenir en su diversificación evolutiva desde el origen de los vertebrados terrestres hasta la actualidad. Las especies incluidas en este estudio pertenecen principalmente a algunos taxones concretos como mamíferos (Primates, Rodentia, Ungulata, Carnivora y Marsupialia), aves y peces óseos. En términos generales, puede decirse que, de los 32 genes encontrados en vertebrados, al menos 4 de ellos han surgido por duplicaciones posteriores a la colonización del medio terrestre y 2 de ellos parecen haberse perdido en el linaje de las aves. Otras modificaciones observadas son debidas principalmente a mutaciones como las sustituciones de aminoácidos o las inserciones/deleciones (indels).

*Paralogous genes are a clear example of duplications and source of diversification in the evolution of the genomes of living beings. Here we addressed CTS genes that give rise to the proteolytic enzymes called*

*cathepsins. After a thorough search in bibliographic databases and molecular sequences we found information about these genes is confusing. In order to identify the processes involved in their evolutionary diversification since the origin of terrestrial vertebrates to the present we analysed the phylogenetic relationships between the amino acid sequences of cathepsins. The species included in this study belong mainly to some specific taxa such as Mammals (Primates, Rodents, Ungulates, Carnivora and Marsupials), Birds and Bony Fishes. In general terms, among the 32 genes found in vertebrates, at least 4 of them have arisen due to duplications subsequent to the colonization of the terrestrial environment and 2 of them seem to have been lost in the lineage of the Birds. Other modifications observed are mainly due to mutations such as amino acid substitutions or insertions/deletions (indels).*

## Introducción

Es conocido que la Bioinformática es una disciplina basada en la recopilación, almacenamiento, organización, manejo, análisis y transmisión de información molecular referente a datos biológicos. La creciente acumulación de secuencias nucleotídicas de genes y genomas estimula, también de forma creciente, la creación de nuevas aplicaciones con utilidad en la investigación biológica. Actualmente, las bases de datos moleculares contienen gran cantidad de información genética acerca de numerosas especies de animales, plantas y microorganismos; y el análisis de grupos de genes, relacionados entre sí por sus características estructurales y funcionales, permite establecer relaciones de parentesco evolutivo entre ellos y entender algo acerca de la forma en que han ido evolucionando, llegando incluso a datar acontecimientos evolutivos de índole molecular no percibidos por otros medios, como es el caso de las globinas<sup>[1,2]</sup> o el de los genes homeóticos<sup>[3]</sup>. A los genes que componen cada uno de esos grupos se les califica de «parálogos», al ser originados por duplicación a partir de un gen ancestral y su posterior diferenciación por mutaciones, y son un claro ejemplo de los fenómenos del mecanismo de amplificación de la información genómica en la evolución de los seres vivos.

Un grupo de este tipo de genes duplicados, aún poco estudiados desde esa perspectiva, es el de los CTS, que codifican ciertas enzimas con función proteolítica denominadas catepsinas, cuya característica principal es la presencia de un dominio proteasa hacia el final de su secuencia aminoacídica. Su interés radica en que presentan funciones en diferentes procesos celulares y en que su ausencia o mal funcionamiento provocan ciertas patologías o enfermedades<sup>[4,5]</sup>.

En este artículo, se pretende clarificar la, a veces confusa, información sobre estos genes y profundizar en el conocimiento de los mecanismos que han podido participar en su diversificación, con el fin de encontrar un modelo evolutivo que la explique desde el origen de los vertebrados terrestres<sup>[6]</sup>. Para ello, se ha realizado una búsqueda en bases de datos bibliográficas y de secuencias moleculares y se ha llevado a cabo su

análisis filogenético mediante la generación de alineamientos múltiples de secuencias aminoacídicas y de las correspondientes filogenias para algunas de las especies más representativas de ciertos taxones. Este es un ejercicio que ha permitido además comprobar la utilidad actual de los recursos bioinformáticos para un biólogo molecular.

## Métodos

En relación con las catepsinas conocidas en la especie humana, se han buscado en las bases de datos del National Center for Biotechnology Information (NCBI) genes «homólogos» (genes provenientes de ancestros comunes) a cada uno de los parálogos en especies pertenecientes a taxones bien diferenciados a nivel genómico y filogenético: primates, roedores, ungulados, carnívoros, marsupiales, aves, anfibios y peces óseos. Adicionalmente, se anotó la ubicación cromosómica de cada gen de catepsina para las especies analizadas (tabla 1).

Con las más de 400 secuencias aminoacídicas de diferentes especies encontradas, se realizaron alineamientos múltiples y árboles filogenéticos mediante el uso del software Seaview, con el fin de depurar la muestra a analizar y seleccionar las secuencias más representativas, excluyendo todas aquellas que mostraban errores inaceptables de distinta naturaleza.

## Análisis de los resultados y discusión

Entre las secuencias halladas, destaca cierta problemática en su sinonimia ( $C=DPP$ ,  $H=I$ ,  $L=L1$ ,  $L2=V=U$ ,  $1=7$ ,  $2=8$ ,  $P=J$ ...). Lo más interesante aquí es la ubicación sinténica de varias catepsinas (tabla 1), lo que sugiere una posible relación funcional, así como un alto grado de conservación evolutiva y una mayor proximidad filogenética. También destacan catepsinas aparentemente ausentes (quizás por delección o pérdida tras la duplicación) o no expresadas (por afuncionalización), principalmente en aves y peces o como el caso de la L2, ausente en roedores, y la G, en marsupiales; y catepsinas más o menos exclusivas de ciertos taxones,

como las *placentally expressed cathepsins* (PEC) específicas de roedores, y otras adicionales (ver tabla 1) en peces óseos<sup>[7,8,9,10]</sup>. En este último taxón, no se puede ser concluyente por la escasez de datos.

Un particular objetivo de estos estudios es encontrar posibles relaciones funcionales que concuerden entre genes «ortólogos» (genes homólogos resultado de la divergencia de especies o linajes), es decir, genes que mantengan la misma función en especies diferentes. Para ello, se ha comprobado la expresión de cada catepsina en distintos tejidos en el ejemplo de humanos. En este sentido, llama la atención el caso algo excepcional de las PEC de roedores. Las catepsinas PEC, debido a que se encuentran en el mismo cromosoma que la L y a que la L2 está ausente en este taxón, parecen ser producto de duplicaciones de uno de esos dos genes. Estas duplicaciones parecen haber promovido un reparto de funciones entre las PEC en relación con las catepsinas L y L2 humanas (figura 1). De hecho, las funciones de las PEC, L y L2 están relacionadas, formando un grupo separado de los otros genes.

Curiosamente, la relación filogenética entre estas catepsinas y las más semejantes a nivel de secuencia (K y S) refuerza un modelo de sucesivas duplicaciones de genes en el linaje de los roedores (figura 2), como

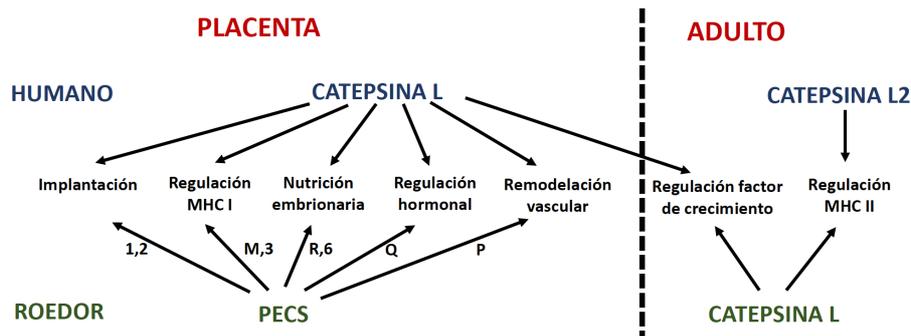
ya expusieron Sol-Church y otros<sup>[7]</sup>. Este caso podría ser un ejemplo de que las modificaciones que afectan a los genes duplicados deben producirse bajo una menor presión de selección y evolucionar derivando hacia funciones más bien aleatorias que faciliten su adaptación a las nuevas situaciones.

En términos generales, puede decirse que, de los 32 genes identificados en vertebrados, todos presentan un alto grado de semejanza a nivel de proteína (por conservación evolutiva). Sin embargo, en el extremo inicial de sus secuencias, algunas de ellas, como la catepsina B, aparecen más conservadas que otras, como Tinag y TinagL, como se puede apreciar al alinear sus secuencias (figura 3). Es muy probable que las diferencias en el grado de conservación evolutiva estén relacionadas con la importancia funcional de las distintas proteínas.

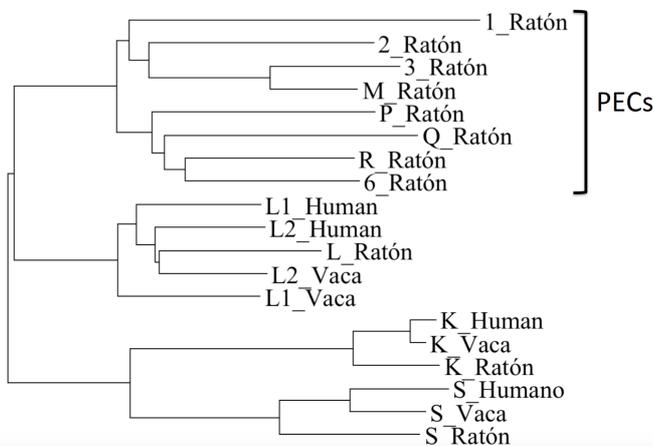
La mayoría de las modificaciones que se ponen de manifiesto en los alineamientos múltiples de estas secuencias son sustituciones de aminoácidos (consideradas como mutaciones puntuales), pero son las deleciones las que revelan mejor su diferente grado de conservación evolutiva, sobre todo, en la región ajena al dominio peptidasa.

**Tabla 1.** Ubicación cromosómica de los genes de catepsinas en vertebrados. En los encabezados (fondo gris), los nombres de taxones, de las especies mejor estudiadas y de las diferentes catepsinas. PECs = catepsinas expresadas placentariamente. Los datos numéricos representan a los cromosomas implicados, apareciendo en celdas de un mismo color los indicativos de 'sintenas' (coincidencias en ubicación) confirmadas. Las casillas vacías indican ausencia o falta de datos en esas especies. Las casillas con '+' indican la presencia de dicha catepsina sin conocimiento de su ubicación cromosómica. Datos extraídos de la base de datos Gene del NCBI ([ncbi.nlm.nih.gov](http://ncbi.nlm.nih.gov)).

TAXONES	ESPECIES	TINAG	TINAGL1	A	B	C	D	E	F	G	H	K	L	L2	O	S	W	Z	
Primates	<i>Homo sapiens</i>	Humano	6	1	20	8	11	11	1	11	14	15	1	9	9	4	1	11	20
	<i>Pan troglodytes</i>	Chimpancé	6	1	20	8	11	11	1	11	14	15	1	9	9	4	1	11	20
	<i>Gorilla gorilla</i>	Gorila	20	8	11	11	1	1	11	14	15	1	9	9	4	1	11	20	
	<i>Nomascus leucogenys</i>	Gibon	22	12	13	4	15	4	5	4	22	6	12	1	1	7	12	4	13
	<i>Macaca mulatta</i>	Macaco	4	1	10	8	14	14	1	14	7	7	1	15	15	5	1	14	10
	<i>Chlorocebus sabaeus</i>	MonoVerde	17	20	2	8	1	1	25	1	24	26	+	12	12	7	+	1	2
	<i>Callithrix jacchus</i>	Titi	4	7	5	13	11	11	19	11	10	10	18	1	1	3	18	11	5
	<i>Microcebus murinus</i>	LemurR	6	2	18	20	5	5	27	5	9	2				14	2	5	18
	<i>Mus musculus</i>	Ratón	9	4	2	14	7	7	1	19	14	9	3	13		3	3	19	2
	<i>Rattus norvegicus</i>	Rata	8	5	3	15	1	1	13	1	15	8	2	17		2	2	1	3
<i>Microtus ochrogaster</i>	Topillo	5	10	8	17	22	8	6	8	+	+	21	16	+	1	21	8	8	
Ungulados	<i>Capra hircus</i>	Cabra	23		13	8	29	29	+	29	21	21	3	8	8	17	3	29	13
	<i>Bos taurus</i>	Vaca	23	2	13	8	29	29	+	29	21	21	3	8	8	17	3	29	13
	<i>Bubalus bubalis</i>	Búfalo de agua	2	2	14	3	5	5		5	20	20	6	3	3	17	6	5	14
	<i>Sus scrofa</i>	Cerdo	7	6	17	14	9	2	+	2	7	7	4	10	10	8	4	2	17
	<i>Equus caballus</i>	Caballo	20	2	22	2	7	12	5	12	1	+	5	23	23	2	5	12	22
Carnívoros	<i>Canis lupus familiaris</i>	Perro	12	2	24	25	21	18	38	18	8	3	17	1	1	15	17	18	24
	<i>Felis catus</i>	Gato	B02	C01	A03	B01	D01	D01	F01	D01	B03	B03	C01	D04	D04	B01	C01	D01	A03
Marsupiales	<i>Monodelphis domestica</i>	Zarigueya	2	4	1	1	4		2	8		1	2	+	5	2	8	1	
	<i>Meleagris gallopavo</i>	Pavo		25	22	2	1	5	28			12	27	Z	4	27		22	
Aves	<i>Gallus gallus</i>	Pollo	3	23	20	3	1	5	26		10	25	Z	4	25	+	20		
	<i>Coturnix japonica</i>	Codorniz	3	23	20	3	1	5	26		10	Z	4	25			20		
	<i>Taeniopygia guttata</i>	Pinzón	3	20	3	1	5	+		10	Z	4					20		
	<i>Ficedula albicollis</i>	Papamoscas		3	20	3	1	5	26		10	Z	+	+			20		
	<i>Xenopus tropicalis</i>	Rana		2	10	+	2	4	2	4	1	3	8	3	1	+	8	4	+
Peces óseos	<i>Salmo salar</i>	Salmon			22	1	20					5	113	5	2	5			
	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Trucha		18	7	4								17				17	
	<i>Oreochromis niloticus</i>	Tilapia		22	5		14	1			7	11		2				5	
	<i>Astatotilapia calliptera</i>	Ciclido			5		14	1			7			2				5	
	<i>Danio rerio</i>	Zebrita		19	6	17	15	18		14	18	16	5	14	16			6	
	<i>Oryzias latipes</i>	Medaka		11	5	3	13				6	9		10	11			5	
	<i>Ictalurus punctatus</i>	Siluro			11	9	17	12			26	1	22	8	1	8		12	
	<i>Cynoglossus semilaevis</i>	Lenguado		18	11	5	4	5			6	Z		15				11	
	<i>Esox lucius</i>	Lucio		10	17	15	1	2			19							17	
	<i>Lepisosteus oculatus</i>	Catan		6	18	+	3	27		3	3			2	4			28	18



**Figura 1: Posibles funciones de las catepsinas PEC en relación con las L y L2 (=V).** En la placenta (izquierda), cada una de las PEC de los roedores cumple una de las funciones específicas entre las que posee la catepsina L de humanos. En el adulto (derecha), en cambio, la catepsina L de roedores adopta funciones de las L y L2 (V) en humanos (imagen redibujada de Manson, 2008<sup>[9]</sup>).



**Figura 2: Filogenia simplificada de las PECs (1, 2, 3, 6, M, P, Q y R) en relación con las catepsinas más similares (L/L1, L2, K y S) de tres especies representativas (humano, ratón y vaca).** El árbol fue obtenido por el método de distancias NJ (*Neighbour Joining*) a partir de un alineamiento múltiple realizado con el algoritmo *clustal*.

Por otra parte, el análisis filogenético de las principales catepsinas incluidas en este trabajo revela varios aspectos (figura 4), que sirven también como conclusión sobre el estudio de estas proteínas:

- Las duplicaciones son la base evolutiva de su diversidad, aunque no es posible, por el momento, determinar cuántos eventos y en qué períodos se han producido ni si abarcaron solo uno o más genes.
- Dado que los genes F y W aparecen sinténicos en mamíferos y que están presentes también en reptiles (datos no mostrados), cabe suponer que en el linaje de las aves su ausencia se deba más bien a una sola delección de ambos genes.
- Los distintos tipos de catepsinas — serina (A),

aspartato (B), cisteína (C) — citados en la figura 4 forman grupos monofiléticos y debieron diferenciarse funcionalmente tras las primeras duplicaciones en períodos muy primitivos de la evolución de esta familia de proteínas.

- Desde el origen de los vertebrados aparecen catepsinas que no estaban presentes en invertebrados (como las S y K) y más de 4 genes (Tinag, L2, W y las PECs) han surgido por duplicaciones posteriores a la colonización del medio terrestre.
- Otras modificaciones observadas son debidas principalmente a mutaciones del tipo pequeñas inserciones/delecciones (indels) y sustituciones de aminoácidos.

Las futuras líneas de investigación permitirán concretar muchas de estas ideas, ampliar el espectro genético de especies, corregir errores de las secuencias moleculares conocidas y realizar estudios filogenéticos específicos para cada uno de los genes. Mucho queda aún por conocer sobre las catepsinas en otras especies y sobre su diversidad funcional para llegar a conclusiones evolutivas más definidas, así como sobre sus posibles aplicaciones en ámbitos menos teóricos.

Una finalidad al respecto sería poder diferenciar los genes más importantes de los que tienen funciones secundarias.

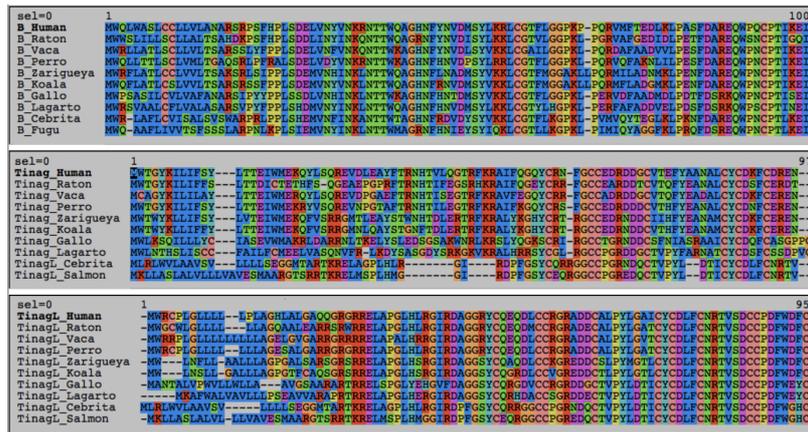


Figura 3: Sección inicial de los alineamientos múltiples de tres catepsinas. Sustituciones y deleciones muestran la variabilidad relativa de sus secuencias aminoácidas en especies representativas de los taxones analizados. Dado que Tinag no aparece en peces, se han utilizado las secuencias correspondientes al gen parálogo (TinagL) como grupo externo al resto de los taxones (alineamientos elaborados con el algoritmo *clustal*).

Filogenia de genes parálogos de catepsinas

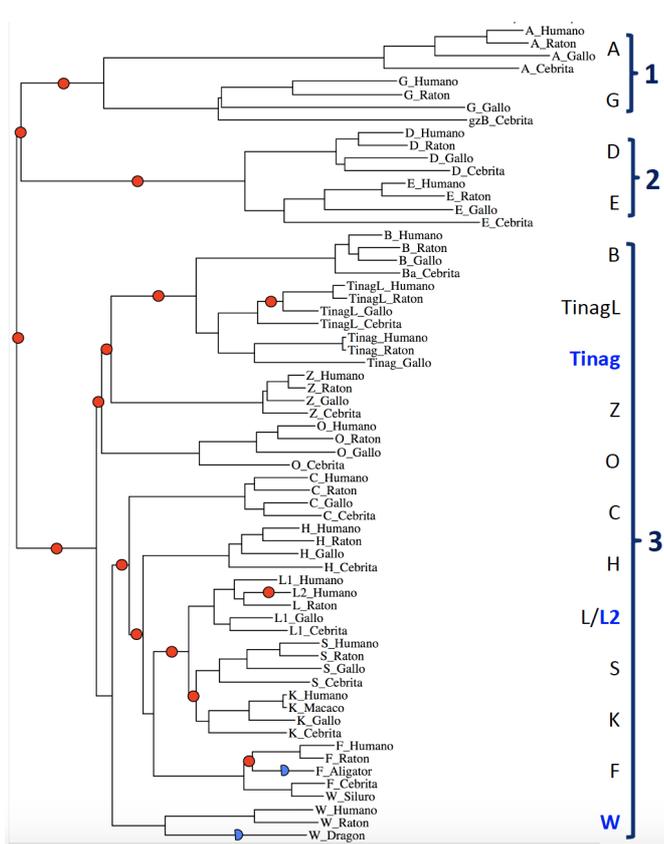


Figura 4: Árbol filogenético simplificado (obtenido por el método de distancias NJ) de las principales catepsinas, de una o dos especies de primates, roedores, aves/reptiles o peces. Círculos rojos: eventos de duplicación. Semicírculos azules: deleción de los genes F y W en aves. Letras en columna (derecha): nombres de catepsinas (en azul, las ausentes en peces). Los números representan respectivamente los tres tipos de catepsina establecidos, de serina (1), de aspartato (2) y de cisteína (3)<sup>[12]</sup>. Destaca un ejemplo de sinonimia confusa en el gen F (aquí W) del Siluro.

Referencias

- [1] Taylor J y Raes, J. Small-Scale Gene Duplications. En: Ryan Gregory, T. (Ed.) *The Evolution of the Genome*, pp. 289-327. Academic Press, Cambridge, 2005.
- [2] Hoffmann F y otros. Evolution of the Globin Gene Family in Deuterostomes: Lineage-Specific Patterns of Diversification and Attrition. *Mol. Biol. Evol.*, 29: 1735-1745, 2012.
- [3] Carroll SB y otros. *From DNA to diversity: molecular genetics and the evolution of animal design*. Blackwell Science, Hoboken, Nueva Jersey, 2001.
- [4] Sun B y Chi H. Cathepsin S of *Sciaenops ocellatus*: Identification, transcriptional expression and enzymatic activity. *Int. J. Biol. Macromol.*, 82: 76-82, 2016.
- [5] Wang Y y otros. Identification and activity of a paralog of cathepsin S from yellow catfish (*Pelteobagrus fulvidraco*) involved in immune response. *Fish Shellfish Immunol.*, 61: 16-23, 2017.
- [6] Zhou J y otros. Evolutionary History of Cathepsin L (L-like) Family Genes in Vertebrates. *Int. J. Biol. Sci.*, 11: 1016-1025, 2015.
- [7] Sol-Church y otros. Evolution of placentally expressed cathepsins. *Biochem. Biophys. Res. Commun.*, 293: 23-29, 2002.
- [8] Gallwitz M y otros. Expansion of the mast cell chymase locus over the past 200 million years of mammalian evolution. *Immunogenetics*, 58: 655-669, 2006.
- [9] Mason R. Emerging functions of placental cathepsins. *Placenta*, 29: 385-390, 2008.
- [10] Raymond W y otros. How immune peptidases change specificity: cathepsin G gained tryptic function but lost efficiency during primate evolution. *J. Immunol.*, 185: 5360-5368, 2010.
- [11] Oikawa D y Iwawaki T. Positive contribution of IRE1 $\alpha$ -XBP1 pathway to the expression of placental cathepsins. *Biochem. Biophys. Res. Commun.*, 433: 426-431, 2013.
- [12] Kirkegaard T y Jäättelä M. Lysosomal involvement in cell death and cancer. *Biochim. Biophys. Acta*, 1793: 746-754, 2009.

## *Encuentros con las novedades*

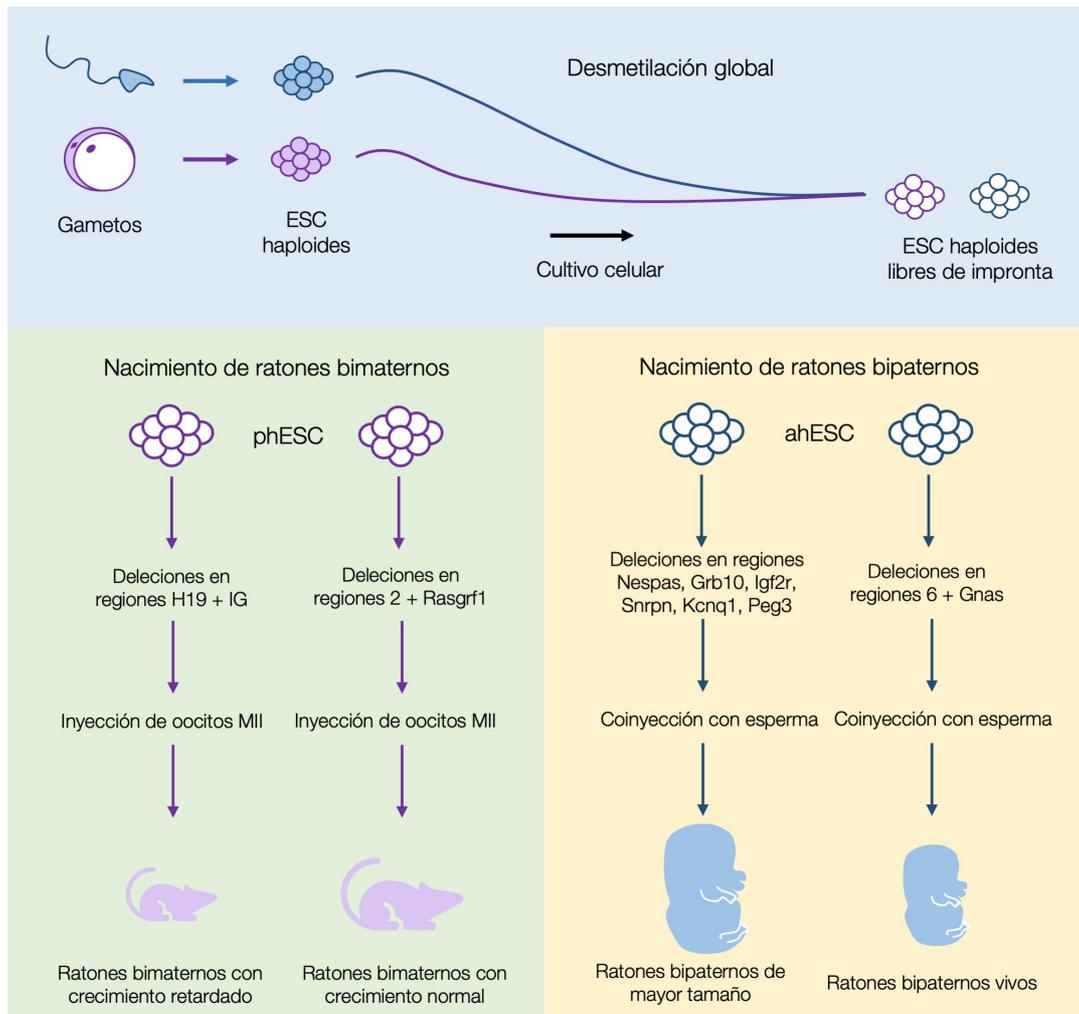
### **Cruzando las barreras de la reproducción en mamíferos: realidad y retos futuros:**

¿Por qué los mamíferos necesitan el sexo para la reproducción? ¿Cuáles son las barreras que impiden la reproducción entre individuos del mismo sexo? ¿Qué reglas es necesario romper para conseguir crías viables a partir de dos individuos del mismo sexo? Estas son algunas de las preguntas que se hacían Li y colaboradores, investigadores de la Academia de Ciencias de China, cuando comenzaron el estudio publicado el pasado 11 de octubre de 2018 en la revista *Cell Stem Cell*, en el que conseguían, por primera vez en la historia, obtener crías viables de ratón a partir de dos progenitores del mismo sexo utilizando tecnologías de edición genética y células madre<sup>[1]</sup>. La reproducción es fundamental para todas las formas de vida existentes, pero existe una gran variedad de métodos reproductivos entre las distintas especies. Hay animales vertebrados, como algunos reptiles, peces y anfibios, que cuentan con métodos de reproducción a su disposición que les permiten generar descendencia sin necesidad de aparearse con otro individuo, como la partenogénesis y la ginogénesis. Esto no es posible en el caso de los mamíferos, que se encuentran con la barrera del llamado «sellado génico», un mecanismo epigenético por el cual la expresión de ciertos genes procede del genoma materno o del paterno, al contrario que la mayoría de los genes, que se expresan a partir de los dos. Los mamíferos heredan normalmente dos conjuntos de genes, uno procedente del padre y otro de la madre, y durante el desarrollo, hay genes de uno de estos dos conjuntos cuya expresión se «apaga» o se debilita, reduciéndose así la expresión génica de una de las copias parentales. Este proceso, que subyace a las barreras para la reproducción uniparental de los mamíferos, no es un capricho de la naturaleza, pues promueve el intercambio beneficioso de información genética entre los individuos y ayuda a la propagación de las mutaciones que confieren ventajas evolutivas y al mantenimiento de la competitividad en la descendencia<sup>[2]</sup>. Por tanto, el sellado génico constituye un mecanismo de control genético esencial para el éxito evolutivo de los mamíferos y debe entenderse como tal, pero supone, a su vez, un reto atractivo para la ciencia entender las reglas que lo rigen con el fin de cruzar los límites que este impone. Y el resultado de ello es tan llamativo que los principales medios de comunicación nacionales e internacionales se hicieron eco de la noticia inmediatamente. No es casualidad

esta repercusión mediática, no solo por el enorme éxito científico alcanzado, sino porque este implica cruzar las barreras biológicas de la reproducción, con el debate ético y el enfrentamiento social que ello conlleva.

Este no un logro aislado, sino un enorme paso en el camino que comenzaron en 1999 Kato y colaboradores, que intentaron eliminar el sellado génico por primera vez en células germinales primordiales, los precursores más tempranos de los gametos, para producir descendencia uniparental viable<sup>[3]</sup>. Los embriones generados no prosperaron, lo que permitió concluir que el sellado es esencial para el desarrollo normal y que no puede ser eliminada de los ovocitos maduros. En 2004, Kono y colaboradores produjeron los primeros ratones procedentes de dos madres mediante la delección de la región de sellado paterno metilada *H19-Ig2*<sup>[4]</sup>. Sin embargo, los ratones obtenidos presentaban un desarrollo defectuoso y una supervivencia muy baja, algo que pudo superarse parcialmente mediante la delección de un locus adicional del sellado, IG-DMR<sup>[5]</sup>. Estos experimentos demostraron que, efectivamente, la expresión del sellado génico era la principal barrera para el desarrollo partenogenético en mamíferos. Aunque son muchos los misterios que rodean aún a la asimetría genómica en el desarrollo, hoy en día, se conoce la existencia de unos 100 genes sellados<sup>[6]</sup>. Con estos conocimientos y el avance de las células madre embrionarias haploides como plataforma para el screening genético y la producción de animales, Li y colaboradores han utilizado CRISPR-Cas9 para eliminar 3 regiones selladas en haploides partenogenéticos (dos genomas maternos) y 7 en haploides androgenéticos (dos genomas paternos) para obtener ratones con dos madres y con dos padres, respectivamente (Figura ??). Los ratones bimaternalmente obtenidos fueron completamente viables; los bipaternalmente, aunque murieron a las 48 horas, suponen un enorme logro de este estudio, ya que no había sido posible anteriormente generar ratones viables con dos padres. Al analizar los fenotipos, se observó que los ratones con dos genomas paternos mostraban un tamaño corporal mayor, frente al tamaño más reducido de los ratones con dos genomas maternos. Esto apoya lo previsto por la teoría de conflicto genético, según la cual, los genes de sellado paterno «extraen» nutrientes de la madre durante la gestación, mientras que los genes de sellado materno contrarrestan el efecto de los anteriores, resultando en el mayor crecimiento de los individuos con genes paternales.

Esta investigación muestra que la razón por la que



**Figura 1: Procedimiento realizado por Li Z et al. para obtener ratones bimaternos y bipaternos.** Los autores del estudio utilizan células madre embrionarias (ESC) para poder generar ratones bimaternos y bipaternos. Las células partenogénicas (con dos genomas maternos) permiten el crecimiento normal de ratones bimaternos y las células androgénicas (dos genomas paternos) permiten el desarrollo de ratones bipaternos vivos. Adaptado de Li Z y otros, 2018<sup>[1]</sup>.

los mamíferos necesitan el sexo para reproducirse es por el comportamiento del propio ADN según el progenitor del que provenga. El sellado génico es la barrera que impide la reproducción entre individuos del mismo sexo, pero esta barrera se puede cruzar gracias a las técnicas de edición genética. Ante este hallazgo, es común que una de las primeras cuestiones planteadas sea su posible aplicación en humanos. Los investigadores aseguran que existen numerosas dificultades para alcanzar esta quimera, pues los riesgos de anomalías severas son muy altos y se necesitarían muchos años de investigación en modelos animales para controlar por completo el proceso y poder realizarlo de forma segura. Además, en caso de desarrollarse un protocolo seguro, es muy probable que la gran manipulación genética necesaria para obtener embriones humanos viables a partir de progenitores del mismo sexo deje a esta técnica reproductiva estancada en los tribunales de todo el mundo. Si a esto añadimos que este método podría favorecer la reproducción en parejas del mismo sexo, no es difícil imaginar que la mera propuesta de su utilización pueda

constituir un cóctel con todos los ingredientes necesarios para enfrentar a distintos sectores de la sociedad.

Aunque su uso como técnica reproductiva se enfrente a todas las dificultades mencionadas, los resultados del estudio revelan aspectos importantes de la reproducción en mamíferos que pueden ser el punto de partida para el desarrollo de estrategias terapéuticas para las enfermedades relacionadas con el sellado génico, las disomías uniparentales humanas (UPD) de *loci* sellados. Los genes sellados son funcionalmente haploides, por lo que las mutaciones en estos genes suelen ser dominantes cuando afectan al alelo expresado, ya que se hace imposible aumentar la expresión del alelo silenciado para mantener el fenotipo normal, dando lugar al desarrollo del síndrome. Los organismos no cuentan con los mecanismos necesarios para sustituir la expresión del alelo mutado por la del otro alelo sellado, pero el conocimiento de todos los detalles subyacentes a este proceso podría dar lugar al desarrollo de herramientas terapéuticas que permitan acabar con UPD como el

síndrome de Prader-Willi, el síndrome de Angelman o la diabetes neonatal.

Es evidente la magnitud del logro científico alcanzado en este estudio, al obtenerse descendencia de progenitores del mismo sexo viables por primera vez en la historia. Es cierto que esto podría dar lugar al desarrollo de una interesante técnica reproductiva y es comprensible el impacto mediático y social de este planteamiento. Sin embargo, quizá no sea el momento de especular con el alcance de esta utopía, sino de felicitar a los investigadores por el gran trabajo realizado y esperar a que sus descubrimientos sirvan para seguir progresando en el conocimiento de los mecanismos que rigen el sellado génico, con el fin de superar retos más realistas, como el desarrollo de las mencionadas terapias para enfermedades relacionadas con el sellado génico.

## Referencias

- [1] Li Z y otros. Generation of Bimaternal and Bipaternal Mice from Hypomethylated Haploid ESCs with Imprinting Region Deletions. *Cell Stem Cell* 23: 665-76, 2018.
- [2] Wilkins JF y Haig D. What good is genomic imprinting: the function of parent-specific gene expression. *Nat Rev Genet* 4: 359-68, 2003.
- [3] Kato Y y otros. Developmental potential of mouse primordial germ cells. *Development* 126: 1823-32, 1999.
- [4] Kono T y otros. Birth of parthenogenetic mice that can develop to adulthood. *Nature* 428: 860-864, 2004.
- [5] Kawahara M y otros. High-frequency generation of viable mice from engineered bi-maternal embryos. *Nat Biotechnol* 25: 1045-1050, 2007.
- [6] Bartolomei MS y Ferguson-Smith AC. Mammalian genomic imprinting. *Cold Spring Harb Perspect Biol* 3: a002592, 2011.

BELÉN DELGADO MARTÍN

eb

## Mujeres STEM@UMA

El número de primavera de la sección pretende visibilizar el papel de las investigadoras de la Universidad de Málaga que trabajan en el campo de la Bioquímica y la Biología Molecular. Estas excelentes científicas realizan sus investigaciones en el Departamento de Biología Molecular y Bioquímica de la Facultad de Ciencias y en el Área de Bioquímica y Biología Molecular de la Facultad de Medicina.



*Unidad para la Igualdad  
entre mujeres y hombres*

### *Investigación en Biología Molecular y Bioquímica*



**Dra. Concepción Ávila Sáez**

[cavila@uma.es](mailto:cavila@uma.es)

*Catedrática de Bioquímica y Biología Molecular.  
Departamento de Biología Molecular y Bioquímica.  
Facultad de Ciencias. Universidad de Málaga –  
Regulación transcripcional en coníferas.*

Concha Ávila es catedrática de Bioquímica y Biología Molecular de la Universidad de Málaga. Licenciada en Ciencias Químicas en la especialidad de Bioquímica por la Universidad Complutense de Madrid se doctoró en Química por la Universidad de Málaga en 1987. Su trabajo de Tesis Doctoral en la enzimología de la asimilación de amonio por las plantas fue reconocido con

el premio extraordinario de doctorado en 1988, año en el que se trasladó con una beca Fleming a Rothamsted Experimental Station (Reino Unido). Durante ese tiempo comenzó a trabajar en el aislamiento de los genes implicados en la asimilación de amonio en cebada. A finales de 1990 se reincorporó al sistema español de investigación primero en el CIB con una beca de reincorporación y con posterioridad en el CNB como investigadora contratada del CSIC trabajando en distintos aspectos moleculares de la deficiencia nutricional por fosfato en las plantas. En el año 1996 regresó a la Universidad de Málaga con una plaza de profesor Ayudante en el departamento de Biología Molecular y Bioquímica. En ese momento se incorporó a trabajar en el grupo de Investigación del Plan Andaluz de Investigación, Desarrollo e Innovación (PAIDI, BIO-114) «Biología Molecular y Biotecnología». Dentro de este grupo puso en marcha una línea de investigación para estudiar la regulación transcripcional de los genes de coníferas, además de contribuir de manera notable al avance de los estudios de Genómica estructural y funcional que el grupo lleva a cabo en pino mediterráneo y que han llevado a la publicación del primer transcriptoma de una conífera. Más información en: <http://www.bmbq.uma.es/fmp/>.

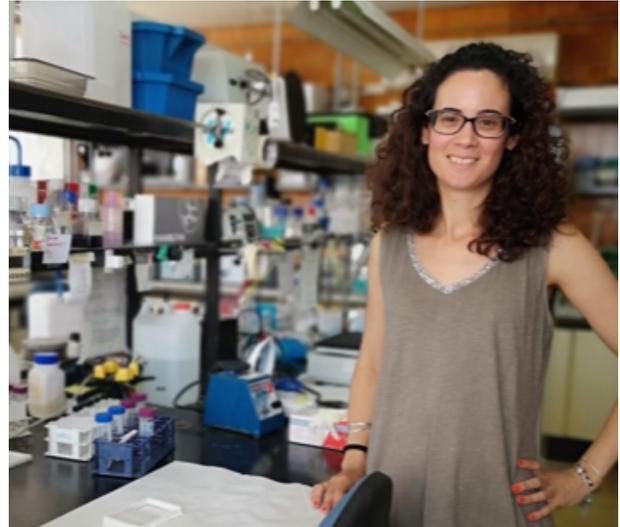


**Dra. M.<sup>a</sup> Inmaculada Manrique Poyato**

[imanrique@uma.es](mailto:imanrique@uma.es)

*Departamento de Biología Molecular y Bioquímica.  
Facultad de Ciencias. Universidad de Málaga.*

Licenciada en Biología, se doctoró en 2010 por la Universidad de Granada. Realizó parte de la investigación de su tesis doctoral con una beca en el Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research de Gatersleben, Alemania, donde profundizó en la dinámica espacial y temporal de los cromosomas B. Su interés por la genética en relación con la biomedicina le llevó a realizar un estudio sobre los exosomas secretados por células madre mesenquimales procedentes de tejido adiposo humano como investigadora posdoctoral en el Centro Andaluz de Biología Molecular y Medicina Regenerativa (CABIMER) de Sevilla, centro de reconocido prestigio a nivel internacional. En 2014 continuó con su labor investigadora compaginándola con la implementación y coordinación del área de secuenciación masiva de la que fue responsable en la empresa privada Genetaq (Málaga). En la actualidad continúa investigando a la vez que ejerce como docente en la Universidad de Málaga, en el Departamento de Biología Molecular y Bioquímica de la Facultad de Ciencias.



**Dra. Beatriz Martínez Poveda**

[bmpoveda@uma.es](mailto:bmpoveda@uma.es)

*Departamento de Biología Molecular y Bioquímica.  
Facultad de Ciencias. Universidad de Málaga – Bases moleculares de la proliferación celular.*

Licenciada en Biología por la Universidad de Málaga en 2002, obtuvo su Doctorado Internacional en 2007 en esa misma Universidad, con un trabajo de Tesis centrado en la búsqueda y caracterización de nuevos compuestos moduladores de la angiogénesis. Beatriz trabajó durante dos años como investigadora posdoctoral en el Instituto de Investigaciones Biomédicas Alberto Sols de Madrid (CSIC-UAM) estudiando la hipoxia y la inhibición de angiogénesis como mecanismo terapéutico en cáncer. Durante este periodo Beatriz adquirió gran experiencia en técnicas de imagen in vivo para el seguimiento de la progresión tumoral en modelos animales. En 2009, Beatriz comenzó un segundo periodo posdoctoral en el Centro Nacional de Investigaciones Cardiovasculares (CNIC) de Madrid, financiada por un contrato Juan de la Cierva. En esta etapa se enfocó en la caracterización molecular del papel de la vía de señalización de Notch durante el desarrollo cardíaco y su implicación en enfermedades cardiovasculares, realizando importantes contribuciones en el estudio de patologías como la estenosis y la calcificación de la válvula aórtica cardíaca, la aterosclerosis y la no-compactación del ventrículo izquierdo, entre otras. En 2015 Beatriz se incorporó como Profesora Sustituta Interina al Departamento de Biología Molecular y Bioquímica de la Universidad de Málaga y actualmente es Profesora Contratada Doctora en ese mismo Departamento. Desde su regreso a Málaga su investigación se ha centrado en la identificación y el estudio de los mecanismos de acción de compuestos con actividad moduladora en procesos asociados al microentorno tumoral (angiogénesis, inflamación), y de la posible aplicabilidad de los compuestos identificados

en otras enfermedades dependientes de angiogénesis. Además de su labor docente e investigadora, Beatriz ejerce de revisora en revistas científicas internacionales indexadas en JCR y es miembro del Comité Editorial Ejecutivo de la revista Encuentros en la Biología.



**Dra. Pilar Morata Losa**

[morata@uma.es](mailto:morata@uma.es)

*Catedrática de Bioquímica y Biología Molecular. Facultad de Medicina. Universidad de Málaga – Diagnóstico Molecular Rápido en Enfermedades Infecciosas (Brucelosis y Tuberculosis)*

Estudió Ciencias Biológicas en la Universidad de Granada y se doctoró en Ciencias (Área de Bioquímica) por la misma universidad en 1979. Su tesis doctoral, versó sobre la regulación del metabolismo hidrocarbonado en la trucha (*Salmo gairdneri*), como modelo experimental de enfermedades de almacenamiento de glucógeno y diabetes. En el año 1981 se trasladó a la Universidad de Málaga y durante los cursos académicos 1982-1993 se incorporó a la línea de investigación dirigida por el profesor Dr. D. Miguel Morel Ocaña, centrada en el estudio que las hormonas tiroideas ejercían sobre el cerebro del adulto, etapa investigadora que hasta la fecha siempre ha compatibilizado con la docencia en Bioquímica y posteriormente en Bioquímica y Biología Molecular, en las facultades de Medicina y Ciencias de la Salud como Profesora Titular y Catedrática. En 1994, crea su propio grupo de investigación, apoyada por un excepcional equipo médico del Hospital Regional de Málaga (hasta 2009 su denominación oficial fue Hospital Carlos Haya) y el trabajo entusiasta de un grupo reducido de Licenciadas en Biología. Este pequeño grupo multidisciplinario, ha estado centrado en el desarrollo de técnicas moleculares

para el diagnóstico rápido de enfermedades infecciosas. En una primera fase, desarrollamos optimizamos y evaluamos la PCR convencional para el diagnóstico molecular de la brucelosis humana, frente a las técnicas de diagnóstico convencionales (serología y cultivo) en diferentes escenarios clínicos de la enfermedad. En las dos últimas décadas, nuestro grupo de investigación, ha dedicado su esfuerzo a optimizar y mejorar la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) en todas sus versiones, para la utilización en el diagnóstico molecular rápido de enfermedades infecciosas bacterianas, como la brucelosis y tuberculosis humana. En estos últimos años, hemos estado centrados en el desarrollo de una PCR-múltiple en tiempo real para diferenciar la tuberculosis extrapulmonar de las complicaciones focales de la brucelosis, patologías a veces muy difíciles de diferenciar clínicamente. Los cultivos convencionales carecen de la suficiente sensibilidad en ambas enfermedades, Además, como *Mycobacterium tuberculosis* y *Brucella* spp son microorganismos exigentes, su aislamiento en una muestra clínica requiere periodos de incubación largos a veces durante varios días o semanas, suponiendo esto un retraso en el tratamiento antimicrobiano correcto, lo cual favorece la progresión de la enfermedad y empeora el pronóstico. En este dilatado recorrido de mi vida docente e investigadora, estoy orgullosa de haber contado en mi última, pero no menos larga etapa con este pequeño grupo de investigación, que han hecho posible buenas y dignas aportaciones científicas, al mundo del diagnóstico molecular en las enfermedades infecciosas.



**Dra. M.ª Belén Pascual Moreno**

[bpascual@uma.es](mailto:bpascual@uma.es)

*Departamento de Biología Molecular y Bioquímica. Facultad de Ciencias. Universidad de Málaga – Biotecnología Forestal.*

Licenciada en Biología y Doctora por la Universidad de Málaga en 2007. Su Tesis Doctoral, financiada por una beca predoctoral del Ministerio de Educación, se centró en la caracterización funcional de genes involucrados en la asimilación de nitrógeno y desarrollo vascular, usando como modelos experimentales chopo y pino mediterráneo, dos especies leñosas de gran importancia tanto económica como ecológica. Esta etapa le permitió adquirir una gran experiencia en técnicas transcriptómicas y genómica funcional de árboles. A continuación, inició su etapa postdoctoral en el grupo de F. Javier Cejudo en el Instituto de Bioquímica Vegetal y Fotosíntesis (CSIC – Universidad de Sevilla) para trabajar en un proyecto sobre la biología redox y el origen de la señalización dependiente de peróxido de hidrógeno en plantas. Esta etapa destaca principalmente por la calidad de la investigación realizada. Los resultados obtenidos fueron publicados en revistas de alto índice de impacto del área y están siendo muy citados por la comunidad científica. En 2011, M<sup>a</sup> Belén Pascual se incorpora al Departamento de Biología Molecular y Bioquímica de la Universidad de Málaga con un contrato de reincorporación «Juan de la Cierva». Vinculada al grupo de investigación «Biología Molecular y Biotecnología, BIO-114» inició una línea de investigación propia centrada en el estudio de la red transcripcional involucrada en la síntesis de madera en pino. Dentro de este proyecto, y en colaboración con la empresa biotecnológica francesa FCBA y con otros grupos europeos, se ha establecido un programa estable para la transformación y análisis funcional de árboles transgénicos para mejorar la producción de biomasa forestal. Esto le valió para que en 2016 consiguiera un contrato postdoctoral de excelencia de la Junta de Andalucía para continuar sus investigaciones en el campo de la biotecnología forestal. Actualmente, Profesora Sustituta Interina y con la acreditación a Profesora Titular en el Departamento de Biología Molecular y Bioquímica continúa con una intensa actividad docente e investigadora, destacando su participación en la formación de nuevos doctores, el desarrollo de varios proyectos de innovación educativa, así como en una importante labor de divulgación científica. Es revisora de numerosas revistas científicas indexadas en JCR y miembro de varias sociedades científicas y grupos especializados (SEBBB y SEFV).



**Dra. Ana Rodríguez Quesada**

[quesada@uma.es](mailto:quesada@uma.es)

*Catedrática de Bioquímica y Biología Molecular.  
Departamento de Biología Molecular y Bioquímica.  
Facultad de Ciencias. Universidad de Málaga –  
Descubrimiento de fármacos.*

Se licenció en Ciencias Químicas en la Universidad de Granada y se doctoró por la Universidad de Málaga. Tras una etapa postdoctoral en el Reino Unido y EE.UU., pasó a formar parte del Grupo de Investigación de la empresa Antibióticos S.A. (León), donde se inició en la búsqueda de nuevos fármacos, tarea que continuó en Pharmacia- Antibióticos Farma (Madrid). Tras siete años en I+D de empresas farmacéuticas, se incorporó al Departamento de Biología Molecular y Bioquímica de la Universidad de Málaga, del que es en la actualidad Catedrática. Su línea de investigación se dedica desde hace más de veinte años a la búsqueda y caracterización de nuevos fármacos, y en particular de nuevos inhibidores de la angiogénesis, presentando en su currículum numerosas contribuciones científicas sobre el tema en forma de artículos en revistas especializadas, libros, capítulos de libros y patentes. Como prueba de su experiencia en el tema de la angiogénesis, cabe destacar la concesión del IV Premio del Consejo Social de la UMA y del Parque Tecnológico de Andalucía como reconocimiento a sus logros en este campo. Realiza su labor investigadora en colaboración con empresas farmacéuticas y grupos de investigación nacionales e internacionales. Es también responsable científica del Laboratorio de Cultivos Celulares de los Servicios Centrales de Apoyo a la Investigación de la Universidad de Málaga y promotora de la empresa Drug Discovery Biotech, S.L.



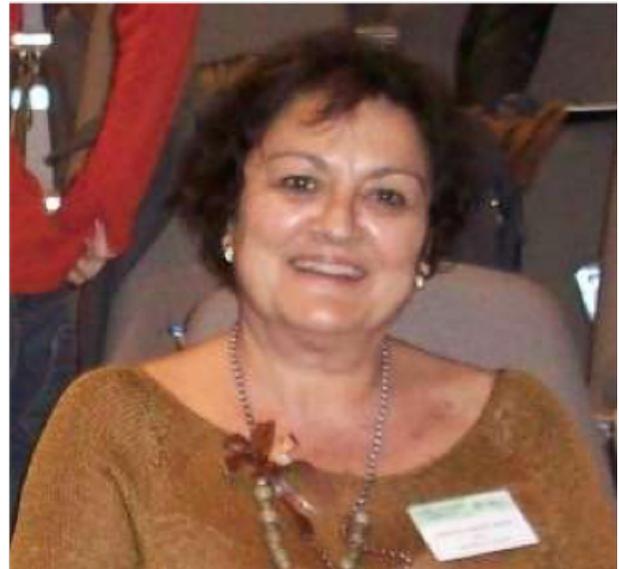
**Dra. Elena Rojano Rivera**

[elenarojano@uma.es](mailto:elenarojano@uma.es)

*Departamento de Biología Molecular y Bioquímica.  
Facultad de Ciencias. Universidad de Málaga – Análisis  
bioinformático de enfermedades raras.*

Licenciada en Biología en el año 2014 y doctorada con mención internacional en 2019 por la Universidad de Málaga. Su tesis doctoral, financiada por un proyecto de excelencia de la Junta de Andalucía, se centró en el desarrollo de herramientas bioinformáticas para analizar modelos de red de pacientes con enfermedades raras para determinar las causas genéticas que dan lugar a sus fenotipos patológicos observados. Del mismo modo, diseñó una herramienta para anotar variantes en regiones no codificantes del genoma dado al creciente interés en el análisis de estas regiones por su asociación con enfermedades. Realizó una estancia en el departamento de Biología Estructural y Molecular del University College London (UCL) para analizar otro modelo de red que permitiera asociar dominios de proteínas con sistemas funcionales y completar parte de los estudios que llevó a cabo durante su etapa predoctoral. Actualmente trabaja en la Universidad de Málaga diseñando herramientas predictivas que, empleando datos de asociación genotipo-fenotipo, ayude al diagnóstico de pacientes con enfermedades genéticas de origen desconocido. Ha participado en diversas actividades docentes en el departamento de Biología Molecular y Bioquímica, así como en congresos nacionales e internacionales, even-

tos divulgativos (Pint of Science, Festival Impaciencia) y pertenece al comité editorial asociado de la revista Encuentros en la Biología.



**Dra. Francisca Sánchez Jiménez**

[kikafriky@gmail.com](mailto:kikafriky@gmail.com)

*Catedrática de Bioquímica y Biología Molecular  
(jubilada desde el 7 de Octubre de 2017) – Aminas  
biógenas y enfermedades raras.*

Se doctoró en Biología por la Universidad de Málaga (1984) gracias al estudio del metabolismo energético y nitrogenado tumoral, y realizó dos estancias postdoctorales, la primera en la Universidad Católica de Roma y la segunda en el campus de Santa Cruz de la Universidad de California (UCSC, EEUU). A su regreso a la Universidad de Málaga implantó las tecnologías propias de la Biología Molecular aplicándolas al estudio de modelos de cáncer. A partir de 2003 comenzó otros proyectos sobre enfermedades raras. Su grupo forma parte del CIBER de Enfermedades raras (CIBERER) desde su fundación en 2016. Ha sido profesora titular de Bioquímica y Biología Molecular desde 1987 y Catedrática desde 2002. Sus investigaciones han originado más de 160 publicaciones en revistas internacionales. Ha dirigido 14 tesis doctorales y ha sido conferenciante invitada en múltiples congresos internacionales especializados en aminas biógenas y enfermedades raras. Ha sido Vicedecana de la Facultad de Ciencias, representante española en varias acciones COST de la Unión Europea, y evaluadora frecuente en agencias nacionales (ANEP, ANECA, entre otras), y de publicaciones en revistas internacionales.

---

---

## *Crónica de la última gran expedición*

---

### EL VIAJE AL ARCHIPIÉLAGO DE CHAFARINAS (1980)

por **Á. ENRIQUE SALVO TIERRA**

LABORATORIO DE BOTÁNICA, DPTO. DE BIOLOGÍA VEGETAL, UNIVERSIDAD DE MÁLAGA

[SALVO@UMA.ES](mailto:SALVO@UMA.ES)

---

Para un naturalista no hay mayor satisfacción que ser el primero en visitar un lugar inexplorado. Es lo que debieron sentir todos aquellos que durante siglos llevaron a cabo expediciones a lugares desconocidos para el estudio de la naturaleza. Evidentemente cada vez son menos esos lugares del planeta, y por eso cuando hace cuatro décadas Alfredo Asensi me ofreció la oportunidad de viajar al Archipiélago de Chafarinas, tuve la misma sensación de aquellos aventureros. La expedición estaba programada para el año 1979, pero en el último momento tuvo que suspenderse por el agravamiento de las relaciones hispano-marroquíes. Para entonces, estaba previsto que fuese Francisco Conde quien acompañase al Profesor Asensi, lo que no pudo ser al año siguiente por motivos de salud, dándome la oportunidad de sustituirlo.

Gracias a las gestiones ante la Diputación de Málaga de Miguel Alcobendas, cineasta y selecto activista cultural, y de Pilar García Millán, diseñadora y productora, fue posible desarrollar una expedición hasta entonces inédita. Aunque en la biografía de Miguel que se encuentra en Wikipedia no aparece referencia alguna a esta expedición, su objetivo era producir un documental de naturaleza, algo por entonces extraño en España, sin más referencia que la de aquellos realizados por el equipo de Félix Rodríguez de la Fuente.

La expedición partió el 14 de Mayo de 1980, conformada los zoólogos Mario Vargas y Agustín Antúnez, y como botánicos Alfredo Asensi y yo, además de Miguel y Pilar. Viajamos en avión hacia Melilla. La experiencia del vuelo ya fue en sí una aventura (para varios era nuestro bautizo de vuelo,... ¡y vaya bautizo!). Al llegar a Melilla nos recibió el Comandante General Militar, D. José María Bougón, que nos impuso una insignia del «Adelantado», y nos ofreció todas las facilidades para el viaje hasta Chafarinas en el «barco del correo», que iba una vez por semana a llevar provisiones a la guarnición,

y ahora además para nuestra permanencia allí. En el malecón nos esperaba el siempre atento Comandante de Marina, D. Eliseo González, y el resto de la tripulación. Navegamos durante casi dos horas por el fuerte viento de levante a sotavento, arribando en el atracadero de la Isla Isabel. Durante el viaje, Alfredo me describía las formaciones vegetales que se vislumbraban entre la bruma en las costas marroquíes, apenas a dos millas náuticas desde el Cabo Tres Forcas hasta el Cabo de Aguas, y cerca de la desembocadura del Río Muluya, frontera entre Argelia y Marruecos.

Nuestra llegada fue un festival para el destacamento de las islas, compuesto por cinco civiles y un centenar de soldados, que por alguna razón habían sido sancionados. Al mando había un teniente que residía temporalmente con su mujer en la isla. Junto con el farero Antonio Osés, de la dinastía de Los Curros de Chafarinas, la última familia autóctona del archipiélago, conformaban el comité de bienvenida. Nos agasajaron con una sencilla pero exquisita comida y luego nos enseñaron nuestros aposentos en la residencia de oficiales. La sobremesa se alargó mucho, ya que no paramos de preguntar detalles de las islas. Bien avanzada la tarde, aprovechamos la bajamar para atravesar a pie el istmo hacia la isla del Rey Francisco, el «cementerio», como era allí conocida, porque en ella había un pequeño camposanto con tumbas derruidas, algunas de personajes llenos de historia. No permanecemos mucho tiempo allí, ya que la tarde languidecía. Al regresar, nos llamó la atención una barquita a remo en la que viajaba un hombre con chilaba: Chopito. Osés nos explicó que venía todos los días, siempre que no hubiese temporal, y que traía baratijas y golosinas que vendía al destacamento. Nos acercamos y también compramos algunas cuantas cosas, la típica tetera, unos gorros de lana y alguna manta.

La cena también se prolongó entre preguntas y

relatos. Allí nos contó Osés como encima del Congreso hubo un enterramiento de dos personas. La isla fue prisión, desde finales del siglo XIX, de los insurgentes cubanos, filipinos e intelectuales españoles durante la dictadura de Primo de Rivera. Así que, en 1954, Cuba pidió a España la repatriación de dos líderes de aquella sublevación, Rafael Maceo y Juan Cintra. El general Muñoz Grande, uno de los más destacados miembros del gobierno franquista, a pesar de las malas relaciones hispano-cubanas, lo autorizó, y una flotilla se desplazó desde Vigo, donde se produciría la entrega de los restos a Cuba. El padre de Osés, también farero de Chafarinas, estaba aquellos días convaleciente en un hospital de Málaga, y a alguien le preguntaron dónde estaban los restos de aquellos héroes. Les dijo que en la cumbre de la isla del Congreso. En poco tiempo descubrieron ambos esqueletos, y entre salvas y honores partieron hacia el puerto gallego para luego ir a Cuba. Cuando el joven aprendiz de farero fue a visitar a su padre a la clínica malagueña y le contó lo de los cubanos, a poco más se muere, pero de un infarto.

– *¡Pero que han hecho, si esos eran dos gitanos que se mataron a navajazos!* - gritó su padre y maestro, mientras él pensaba:

– *¿Quién se lo iba a decir? ¡A Cuba y con todos los honores!*

Al acabar la cena, el teniente nos invitó a una visita muy especial, al «morro» del puerto. Allí estaba todo el destacamento pescando. Rápidamente, nos dieron un «chambé», una tranza con unos pocos anzuelos y sin plomo, y por cebo, sardinas en sal, aunque según decían no era necesario: se «robaba» más pescado del que entraba a la carnaza. Aquello era el mejor indicador de la rica diversidad marina de la zona. Colaboramos a capturar la que iba a ser nuestra comida del día siguiente. Osés nos explicó que buena parte de la dieta era de supervivencia, y que él, en muchas ocasiones, ante la necesidad, había echado mano de huevos de gaviotas o de una colonia de palomas que habitaba en la isla del Congreso.

Aquello era un mar de sorpresas: un recluta sacaba ante nuestros incrédulos ojos una hermosa langosta a la vez que retumbaron en la lejanía unos graves bombazos.

– *Son los nuestros pescando con explosivos. Van a acabar con todo* – nos dijo enojado el comandante.

– *¿Y no podéis hacer nada?* – preguntó Mario.

– *Afortunadamente, cada vez son menos. Vienen de lejos, y los mismos de aquí los abordan, ya que saben*

*que les están dejando sin sustento.*

Un poco más tarde, con una luna llena espectacular, el mar empezó a resplandecer: era un mar de noctilucas (microalgas fosforescentes), uno de los fenómenos más extraordinarios que jamás he contemplado, junto con un arco iris de luna en el Estrecho.

A la mañana siguiente hicimos la primera incursión en la Isla del Congreso. Espectacular macizo volcánico por el que sobrevolaban miles de gaviotas. Las argénteas se mantenían a una cierta distancia, pero las de pico rojo o de Audouin, como anidaban en el suelo, se arrojaban sobre nuestras cabezas en defensa de sus puestas. Estas tenían allí su colonia más grande conocida y convivían con la argéntea, aunque la población de la oportunista iba siendo cada vez mayor.

Las plantas y la estructura de la vegetación nos recordaban mucho a la almeriense, y más concretamente a las de Punta Entina y Punta del Sabinar, donde Alfredo y yo habíamos estado un par de meses antes, en un paisaje muy distinto al de ese mar de plásticos que inunda hoy todo el campo de Dalías. Pero al dar unos pasos, nos topamos con algo para mi hasta entonces desconocido, una especie crasa que recordaba a un cactus. Alfredo la reconoció rápidamente. Se trataba de una asclepiadácea: *Caralluma europea* subsp. *maroccana*. Desgraciadamente, tan sólo queda el testimonio de las fotos del artículo en Jábega, ya que el ejemplar vivo que intentamos cultivar en el Departamento no prosperó, y en el herbario MGC no se conserva el pliego testigo, posiblemente porque tratándose de una planta crasa debió de descomponerse.

Mientras contemplábamos nuestro hallazgo, Agustín daba gritos anunciándonos que había encontrado un eslizón, un lagarto sin patas y ciego. Aprovechó para contarnos que los eslizones son también conocidos como «alacranes» y que de ahí el dicho «Si la víbora volará y el alacrán viera, no habría hombre que al campo saliera», entendiéndose que las gentes pensaban que los eslizones por su morfología parecida a las víboras, eran igualmente venenosos. Mario por su parte, llamó nuestra atención más discretamente, para que observásemos un águila pescadora incubando sus huevos, a la par que el vuelo de un Halcón de Eleonora.

Todo era increíble, pero lo más grande estaba por llegar. Bajamos hasta una rada pedregosa, en donde comenzamos a recolectar algas, mientras Miguel y Pilar nos grababan, cuando en el otro extremo desde una gruta un ser enorme empezó a nadar hacia nosotros. Era una foca monje o foca fraile, «Peluso», el último

macho de la especie en el mar de Alborán, y uno de los escasos 300 ejemplares vivos de la especie. Los machos son sedentarios y tan sólo viajan para aparearse, mientras las hembras están en permanente movimiento con las crías. En el litoral andaluz fue frecuente ver este tipo de mamífero marino hasta mediados del siglo XX.

Nos dijeron que Peluso era muy juguetón e inofensivo, por lo que Miguel y Pilar no lo dudaron y se zambulleron en su búsqueda. En su piel pudimos comprobar por qué se estaban extinguiendo. Tenía heridas de todo tipo propiciadas por el hombre: disparos, arpones, cuchilladas... Tuvimos el gran honor de jugar con él, ya que a principios de los noventa, después de sufrir el moquillo y estar aprisionado por unas artes de pesca, desapareció. Unos dicen que murió y otros que le vieron marcharse con otra foca más joven que él. Hoy, en su lugar, Alda y otros individuos merodean por aquel santuario de Peluso.

Por la tarde visitamos el poblado de la Isla Isabel, una avenida central con barracones a los lados, aposentos de los soldados. Al fondo, una Iglesia dedicada a la Inmaculada Concepción estaba ya casi derruida. Nos contaron que allí llegaron a vivir hasta 3 000 personas, y que se celebraba todo tipo de actos civiles, además de los castrenses. Incluso, en Semana Santa se poseionaban algunas imágenes. Al atardecer la noche del viernes, uno de los reclutas nos invitó a que fuésemos a la «discoteca». «¿Discoteca en Chafarinas?» – fue la pregunta de todos. Se trataba de un «chambao» con algunos adornos singulares, con música y bebidas no alcohólicas, que servían para satisfacer las añoranzas de los fines de semanas de aquellos soldados.

Otra nueva sorpresa fue ver en la isla del Rey, mientras tomaba muestras de algas en unas rocas batidas a levante, una colonia de percebes. Recolectamos e inventariamos durante aquellos días las tres islas, mientras Miguel y Pilar rodaban sin cesar, haciéndonos repetir escenas. Hasta donde sabemos, el documental llegó a producirse e incluso exhibirse en el Certamen de Cine Científico de Ronda, en donde obtuvo un galardón, pero jamás llegamos a verlo los iniciáticos actores.

El último día en las islas, ya era domingo, lo dedicamos a la despedida, agradecimientos y discursos de todo el personal. Un acto especialmente emotivo. Cuando volábamos de regreso a Málaga, el comandante del vuelo tuvo la gentileza de mostrarnos desde la altura una perspectiva del archipiélago que aún conservamos en la retina.

Como recuerdo, quedan los artículos publicados en

Jábega, con una magnífica introducción de Francisco Mir Berlanga, un relato publicado por Laura Smith en el desaparecido «SOL de España», estas seis diapositivas que conservaba, los testimonios en el herbario MGC... ¡Ah! Y los apuntes del Cuaderno de campo que han servido para recordar aquella experiencia única.

**Epílogo:** Años más tarde, gracias a un profundo trabajo sobre la flora y la vegetación del archipiélago realizado por Emilio Blanco (1988), supimos que estas islas habían sido visitadas anteriormente por unos farmacéuticos militares a finales del siglo XIX, por Gandoger en 1908, y que incluso, según González Bueno, en 1902 se inició una tesis inédita por Bescansa que llevaba por título «Herborizaciones fanerogámicas de las Islas Chafarinas y sus inmediaciones del Campo del Moro», que a pesar de estar muy avanzada no llegó a presentarse. En cualquier caso, en aquellos momentos nos sentimos naturalistas pioneros en aquel maravilloso archipiélago, y hoy, cuatro décadas después, aún mucho más.

## Referencias

- [1] Antúnez Corrales A y Vargas Yáñez JM. (1980) Inventario faunístico de Chafarinas. *Jábega* 32: 60-64. <http://www.cedma.es/catalogo/jabega.php?num=32>
- [2] Asensi Marfil A y Salvo Tierra ÁE. (1980) La vegetación de las Islas Chafarinas. *Jábega* 32: 55-59. <http://www.cedma.es/catalogo/jabega.php?num=32>
- [3] Blanco Castro E. (1988) Plantas de las Islas Chafarinas y descripción de su paisaje vegetal. Actas del Simposi Internacional de Botanica Pius Font i Quer. Vol VII. *Fanerogamia*: 333-343. [https://www.miteco.gob.es/es/parques-nacionales-oapn/centros-fincas/chafarinas/Plantas%20Chafarinas\\_tcm30-280254.pdf](https://www.miteco.gob.es/es/parques-nacionales-oapn/centros-fincas/chafarinas/Plantas%20Chafarinas_tcm30-280254.pdf)
- [4] Mir Berlanga F. (1980) Las Islas Chafarinas, Las: historia del archipiélago de Chafarinas. *Jábega* 32: 51-54. <http://www.cedma.es/catalogo/jabega.php?num=32>

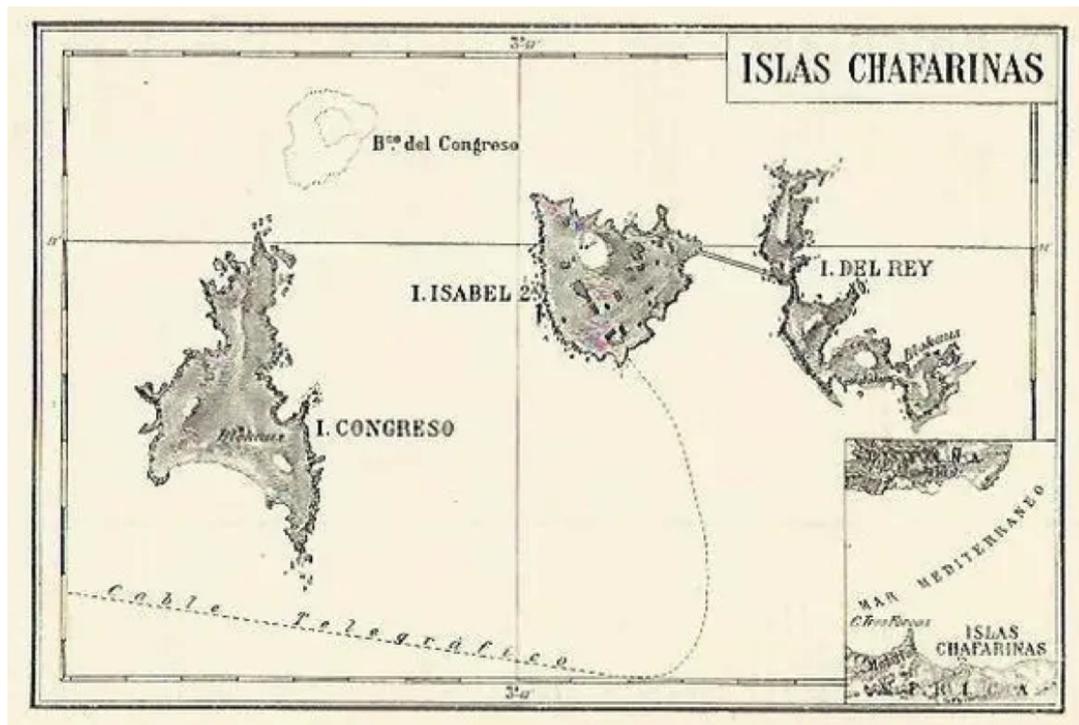
*RELACIÓN DE ESPECIES DEPOSITADAS EN EL HERBARIO MGC*

**CORMÓFITOS**

<i>Anagallis arvensis</i>	<i>Limonium echioides</i>
<i>Arthrocnemum macrostachyum</i>	<i>Lobularia maritima</i>
<i>Asclepias curassavica</i>	<i>Lycium intricatum</i>
<i>Atractylis cancellata</i>	<i>Malva sylvestris</i>
<i>Atriplex halimus</i>	<i>Marrubium alysson</i>
<i>Beta vulgaris</i>	<i>Mercurialis ambigua</i>
<i>Brachypodium distachyon</i>	<i>Mesembryanthemum crystallinum</i>
<i>Bupleurum semicompositum</i>	<i>Nicotiana glauca</i>
<i>Centaurea sphaerocephala</i>	<i>Papaver dubium</i>
<i>Centaurea melitensis</i>	<i>Pistacia lentiscus</i>
<i>Chenopodium murale</i>	<i>Plantago coronopus</i>
<i>Chrysanthemum coronarium</i>	<i>Plantago albicans</i>
<i>Convolvulus althaeoides</i>	<i>Polycarpon tetraphyllum</i>
<i>Daucus carota</i>	<i>Reichardia tingitana</i>
<i>Ecballium elaterium</i>	<i>Salsola vermiculata</i>
<i>Erodium cicutarium</i>	<i>Sonchus tenerrimus</i>
<i>Euphorbia dendroides</i>	<i>Spergularia bocconii</i>
<i>Fagonia cretica</i>	<i>Suaeda vera</i>
<i>Frankenia corymbosa</i>	<i>Tamarix aphylla</i>
<i>Lamarckia aurea</i>	<i>Umbilicus gaditanus</i>
<i>Launaea arborescens</i>	<i>Urtica urens</i>
<i>Limonium hibericum</i>	<i>Withania frutescens</i>

**ALGAS**

<i>Acrosorium ciliolatum</i>	<i>Gelidiella lubrica</i>
<i>Asparagopsis armata</i>	<i>Herposiphonia secunda</i>
<i>Ceramium gracillimum</i>	<i>Jania rubens</i>
<i>Ceramium echionotum</i>	<i>Lomentaria clavellosa</i>
<i>Champia parvula</i>	<i>Nemalion helminthoides</i>
<i>Cladophora prolifera</i>	<i>Peyssonnelia squamaria</i>
<i>Cladostephus spongiosus</i>	<i>Platythamnion plumula</i>
<i>Codium vermilara</i>	<i>Porphyra umbilicalis</i>
<i>Colpomenia sinuosa</i>	<i>Pyropia olivii</i>
<i>Corallina elongata</i>	<i>Sargassum vulgare</i>
<i>Cystoseira mediterranea</i>	<i>Sphacelaria cirrosa</i>
<i>Cystoseira compressa</i>	<i>Spyridia filamentosa</i>
<i>Dictyopteris membranacea</i>	<i>Stypocaulon scoparium</i>
<i>Ectocarpus siliculosus</i>	<i>Valonia utricularis</i>
<i>Gastroclonium clavatum</i>	



**Figura 1:** Cartografía utilizada en la preparación de la expedición extraída de Enciclopedia Universal Ilustrada Europeo-Americana de Espasa Calpe de 1922.



**Figura 2:** Las islas de Isabel II y del Rey desde la Isla del Congreso.



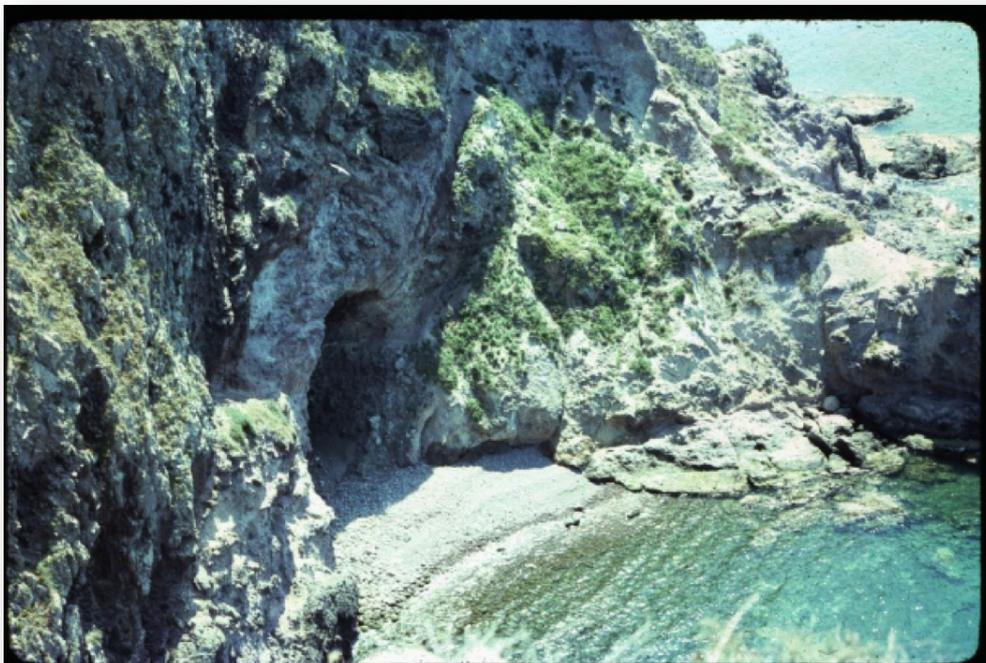
**Figura 3:** Rada de la Isla del Congreso donde vivía Peluso. La cabeza en primer término corresponde a Miguel Alcobendas, el chapoteo del fondo a Pilar, y a medio camino entre ambos, la cabeza de Peluso.



**Figura 4:** La cumbre de la Isla del Congreso. Obsérvese a la derecha como uno de los miembros de la expedición es casi tumbado por una gaviota de Audouin.



**Figura 5:** La claridad de los fondos marinos era espectacular. En estos acantilados a los pies del fotógrafo se encontraba *Caralluma europea*.



**Figura 6:** La gruta en la que habitaba Peluso.



## CUANDO “EL SUEÑO DE LA RAZÓN PRODUCE MONSTRUOS”: SOBRE LAS SUPUESTAS HUELLAS DE HOMÍNIDOS DE ÁLORA

por JOSÉ MANUEL GARCÍA AGUILAR Y PAUL PALMQVIST

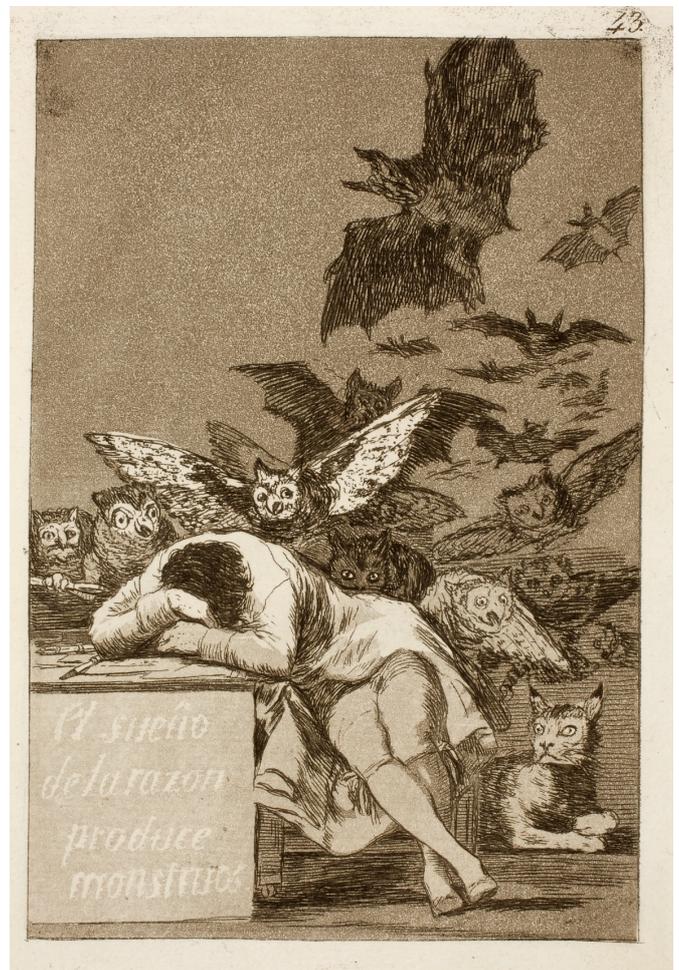
FACULTAD DE CIENCIAS, UNIVERSIDAD DE MÁLAGA

JMG.AGUILAR@UMA.ES, PPB@UMA.ES

Como afirmó el dramaturgo dublinés George Bernard Shaw, «La imaginación es el principio de la creación. Imaginas lo que deseas, persigues lo que imaginas y, finalmente, creas lo que persigues». Esta frase es compatible con el proceso de creatividad científica, el cual precisa también de altas dosis de imaginación. Ahora bien, como en tantas otras cosas de esta vida, dejarse llevar por un exceso de fantasía puede ser contraproducente, según ilustró Francisco de Goya en uno de sus grabados de la serie «Los Caprichos», titulado «El sueño de la razón produce monstruos» (figura 1). Sobre esta obra, en la que se vislumbra el fondo de desesperación que antecede a las famosas pinturas negras del genio del barroco, Adelardo López de Ayala, escritor coetáneo del pintor aragonés, apuntó en un manuscrito que se conserva en la Biblioteca Nacional: «cuando los hombres no oyen el grito de la razón, todo se vuelve visiones».

El 23 de mayo pasado diversos medios de comunicación malagueños y nacionales publicaron artículos en los que se informaba del prometedor hallazgo de un yacimiento con huellas fósiles de *Australopithecus* de unos cinco millones de años de antigüedad en Alhaja Prieta, al Nordeste de Álora (figura 2). Las huellas las estaría estudiando un equipo internacional integrado por investigadores del Museo de Historia Natural de Sofía, como el paleontólogo Nikolai Spassov, junto a arqueólogos supuestamente adscritos a la Universidad de Málaga. Concretamente, en los reportajes periodísticos se hacía referencia al descubrimiento, por parte de dos arqueólogos locales, de ciertas huellas fósiles (icnitas), las cuales corresponderían, siempre en su opinión, a diversos organismos terrestres ya extintos, como el simio asiático *Gigantopithecus*, de 300 kg y casi 3 m de altura (cuyo registro fósil se restringe al Pleistoceno de Asia), el proboscídeo gigante africano *Deinotherium*, o el creodonto (oso-perro) *Hyaenodon*, de morfología parecida a una hiena, así como pisadas de aves, cabras y otros organismos. Entre estas huellas, destacan las que los arqueólogos adscriben, sin mayor justificación, al género *Australopithecus*, el cual agrupa a las especies que documentan el inicio de la singladura evolutiva de nuestro linaje, tras su origen a partir de *Ardipithecus ramidus* hace unos 4,6 millones de años (Ma). De confirmarse el hallazgo, supondrían la evidencia más pretérita

de presencia humana fuera del continente africano, el cual se considera, con amplísimo consenso al respecto por la comunidad paleoantropológica, como la cuna de la humanidad.



**Figura 1:** Grabado de Francisco de Goya y Lucientes, titulado «El sueño de la razón produce monstruos» (1797-1799; aguafuerte, aguatinta sobre papel verjurado, ahuesado, 306 x 201 mm). Perteneciente a la serie «Los Caprichos», se expone en el Museo Nacional del Prado, Madrid. Fuente: [museodelprado.es](http://museodelprado.es)

Las huellas fósiles indiscutibles de homínidos más antiguas que se conocen por el momento son las que descubrió en 1978 Mary Leakey en el yacimiento tanzano de Laetoli, site G<sup>[1]</sup>, adscritas a la especie *Australopithecus afarensis*, la misma a la que perteneció «Lucy», fósil que corresponde a un 60% del esqueleto de un australopitecino hembra de 3,2 Ma descubierto en el yacimiento etíope de Hadar, cuya cadera muestra la

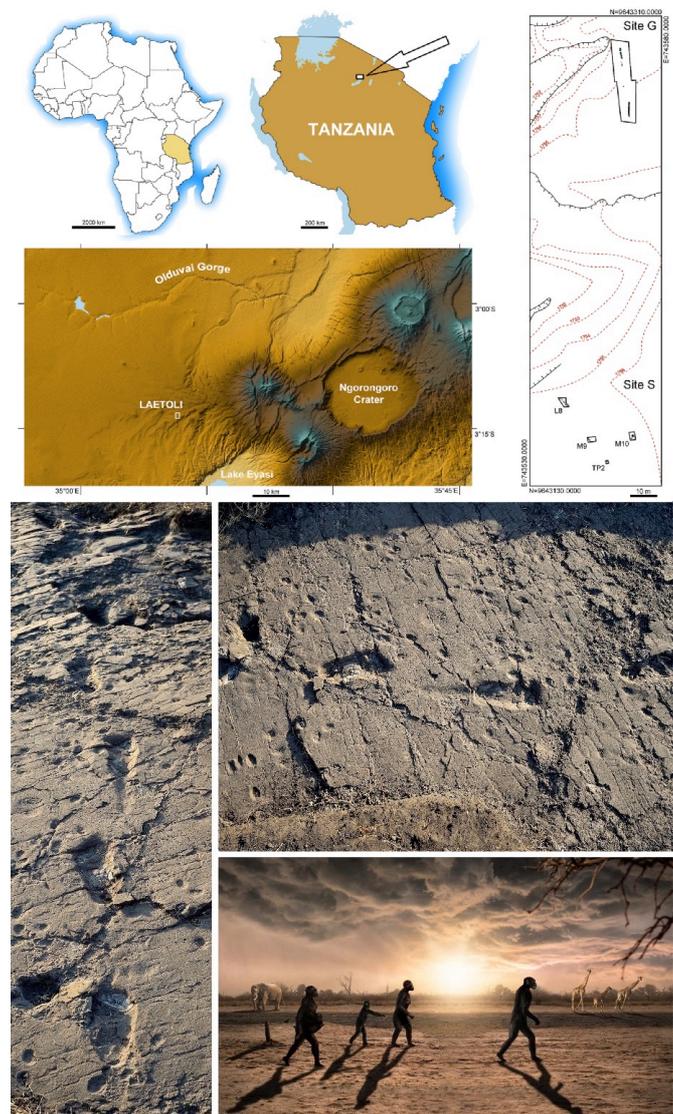
anatomía típica de un bípedo<sup>[2]</sup>. Las huellas de Laetoli se conservaron en cenizas volcánicas, lo que permitió datarlas con seguridad mediante el método del potasio-argón (<sup>40</sup>K/<sup>40</sup>Ar) en 3,6 Ma. Muestran el rastro de tres individuos que caminaban erguidos, dos en paralelo y un tercero cuyas huellas se superponen parcialmente a las de uno de los primeros, cuya zancada era regular y algo más corta que la nuestra. Apoyaban primero el talón, luego el arco y finalmente los dedos, con los que hacían fuerza para impulsarse, especialmente con el dedo gordo, el cual se alineaba hacia delante como en nosotros, a diferencia de lo que ocurre en los grandes simios, como el chimpancé o el gorila, en los que adopta una posición divergente. Junto a estas huellas se conservaron las de una multitud de animales, como hienas, félidos con dientes de sable, babuinos, diversos antílopes o elefantes deinoterios, e incluso se aprecian claramente las marcas del impacto de las gotas de lluvia en el barro de las cenizas. Posteriormente, en el año 2015 se exhumaron 14 nuevos rastros de huellas en este yacimiento (site S), correspondientes a dos individuos que caminaban en la misma dirección de los tres citados anteriormente<sup>[3]</sup> (figura 3). Aparte de estas evidencias, fuera de África solo se conocen en cronologías muy antiguas las posibles huellas del yacimiento de Trachilos en Creta, datadas tentativamente en 5,7 millones de años, que caso de confirmarse su autenticidad podrían corresponder a un primate no humano del Mioceno superior, el cual habría desarrollado la bipedestación de forma independiente de nuestro propio linaje evolutivo<sup>[4]</sup>. Ya más modernas se encuentran las huellas de Happisburgh (Reino Unido), datadas en 1-0,78 Ma y adscritas al género *Homo*<sup>[5]</sup>.



**Figura 2:** Supuesta huella de un *Australopithecus* (depresión situada a la derecha). Fuente: [diariosur.es](http://diariosur.es)

Consideramos, pues, que la noticia publicada en los medios de comunicación sobre las supuestas huellas de Álora debe ser puesta en cuarentena, sobre todo al no venir precedida de una publicación en una revista científica de prestigio, procedimiento habitual antes de dar a conocer en la prensa cualquier hallazgo a la ciudadanía, más aún en este caso por sus posibles impli-

caciones. Además, conviene aclarar aquí que uno de los arqueólogos descubridores de las marcas, el Dr. Juan Manuel Muñoz Gambero, contactó hace meses con uno de los firmantes de este informe, a efectos de recabar su opinión sobre las mismas. Entonces se le dio conocimiento del siguiente informe geológico y paleontológico, de signo divergente a lo expuesto estos días, sobre la verdadera naturaleza del hallazgo, el cual conocimos *in situ* y visitamos quienes ahora escribimos esta aclaración. Nuestras conclusiones al respecto fueron asimismo trasladadas a las autoridades locales.



**Figura 3:** Pisadas del yacimiento plioceno de Laetoli (Tanzania), dejadas por un grupo de australopitecinos gráciles (*Australopithecus afarensis*) al desplazarse por una llanura fangosa, cubierta de ceniza volcánica humedecida por la lluvia, hace 3,6 Ma. Fuente: [nationalgeographic.com](http://nationalgeographic.com)

El lugar del que hablamos (figura 4) se sitúa en el enclave conocido como Alhaja Prieta, junto al arroyo del Aljibe, a unos siete kilómetros al Nordeste de la localidad malagueña de Álora. Desde el punto de vista geológico, la zona se compone de areniscas y margas de



origen de estas marcas es claramente incompatible con huellas humanas o de otros animales terrestres, pues esencialmente corresponden a estructuras sedimentarias originadas durante el propio proceso de sedimentación de los depósitos turbidíticos (avalanchas de materiales) en ambientes marinos profundos.



**Figura 6:** Imágenes de campo de las marcas de erosión visibles en los estratos de areniscas. Obsérvese la diversidad de formas, tamaños y orientaciones, lo que las hace incompatibles con su interpretación como rastros de huellas humanas o de animales. Fuente: fotografías tomadas por J.M. García-Aguilar.

Estas estructuras se verían posteriormente afectadas por la erosión fluvial que tuvo lugar, una vez emergidos los depósitos, en el valle del arroyo del Aljibe y los barrancos asociados al mismo. Aquí podrían haber intervenido, además, procesos mecánicos de tipo pilancón o «marmita de gigante», que también resultan compatibles con la morfología observable en algunas de las marcas (figura 6). Más aún, la geometría y el grado de erosión, así como la morfología de los relieves asociados a sus bordes, sugiere para estas últimas un origen sub-reciente, estimativamente menor a 10 000 años, teniendo en cuenta tanto la profundidad del valle y de los barrancos presentes en la zona como las tasas medias de incisión vertical fluvial características de los ambientes mediterráneos<sup>[6,7,8,9]</sup>. En todo caso, conviene precisar que cuando estos relieves quedaron emergidos se encontraban completamente litificados, lo que imposibilitaría que los animales que transitaban la zona dejasen en ellos sus huellas.

A modo de conclusión, conviene citar aquí de nuevo el título del grabado de Goya con el que iniciábamos

este informe: «El sueño de la razón produce monstruos». En el Museo Nacional del Prado se apunta la siguiente frase sobre esta obra: «La fantasía abandonada de la razón produce monstruos imposibles: unida con ella es madre de las artes y origen de las maravillas». El caso que nos ocupa, el de las supuestas huellas humanas de Álora, no es sino un ejemplo más de cómo el sueño, en cuanto liberación de un mundo interior controlado por la razón, se puede convertir en una fuente inmensa de creatividad, llevándonos a habitar en mundos de fantasía. Desgraciadamente, parece que aquí el exceso de imaginación y fantasía jugó una mala pasada a los arqueólogos que dieron a conocer, de manera precipitada, este hallazgo en los medios de comunicación.

## Referencias

- [1] Leakey MD y Hay RL. Pliocene footprints in the Laetoli Beds at Laetoli, northern Tanzania. *Nature* 278: 317-323, 1979.
- [2] Johanson DC y otros. A new species of the genus *Australopithecus* (Primates: Hominidae) from the Pliocene of eastern Africa. *Kirtlandia* 28: 1-14, 1978.
- [3] Masao FT y otros. New footprints from Laetoli (Tanzania) provide evidence for marked body size variation in early hominins. *eLife* 5: e19568. DOI: [10.7554/eLife.19568](https://doi.org/10.7554/eLife.19568), 2016.
- [4] Gierliński GD y otros. Possible hominin footprints from the late Miocene (c. 5.7 Ma) of Crete? *Proc. Geol. Ass.* 128: 697-710, 2017.
- [5] Lewis AN y otros. Hominin footprints from Early Pleistocene deposits at Happisburgh, UK. *PLoS ONE* 9(2): e88329. doi: [10.1371/journal.pone.0088329](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0088329), 2014.
- [6] Arboleya M y otros. Timing and nature of Quaternary fluvial incision in the Ouarzazate foreland basin, Morocco. *J. Geol. Soc.* 165: 1059-1073, 2008.
- [7] Azañón JM y otros. Calcrete features and age estimates from U/Th dating: Implications for the analysis of Quaternary erosion rates in the northern limb of the Sierra Nevada range (Betic Cordillera, southeast Spain). *Geol. Soc. Am. Spec. Pap.* 416: 223-239, 2006.
- [8] García-Aguilar JM y otros. Incisión fluvial del río Darro durante el periodo 1890-2010 en el sector urbano de Granada (Alhambra-Valparaíso, España) determinada a partir de fotografías históricas. *An. Geog. Univ. Complutense* 36: 307-320, 2016
- [9] Pérez Peña JV y otros. Análisis de la erosión diferencial en el Pleistoceno superior para las sub-cuencas de Guadix y Baza. En: *La cuenca de Guadix-Baza. Estructura, tectónica activa, sismicidad, geomorfología y dataciones existentes (Sanz de Galdeano C y Pe-láez JA, eds.)*, 241-262, Granada, 2007.

## Jóvenes científicos

*Hola, soy Francisco J. Villena y estudio el Grado en Biología de la UMA. Desde pequeño tuve gran interés por la naturaleza y la ciencia, así que cuando llegó el momento de elegir qué camino profesional escoger lo tuve bastante claro. Ya en la carrera redescubrí la divulgación científica y la importante labor que supone acercar la ciencia e incrementar su interés a la población, por ello participo activamente desde diversos ámbitos como las redes sociales, talleres infantiles, visitas botánicas guiadas... Y por supuesto también en esta revista para la que en esta ocasión entrevisto a Elena Martín Clemente; una investigadora cuyo giro profesional «a contracorriente» según la tendencia hacia la investigación aplicada me ha llamado la atención gratamente.*



FRANCISCO J. VILLENA

Elena Martín Clemente es economista y bióloga; en el momento de la fotografía trabajaba en la Universidad de Málaga estudiando semillas de amapola bajo la supervisión del investigador «Ramón y Cajal» Antonio Matas Arroyo. Actualmente está haciendo su Tesis en evolución de cianobacterias a cargo del Dr. Antonio Flores y la Dra. M. Jesús García Sánchez. Le gustaría ayudar a crear una economía verde que anteponga los recursos naturales por encima del resto de objetivos económicos.

**FJV:** Hola Elena, mi nombre es Francisco José Villena. Estudio en el Grado en Biología y entre mis intereses por la ciencia están la virología y la divulgación científica. Sé poco de cianobacterias, que es en lo que trabajas según entendí pero... ¿Qué tienen que ver con las cápsulas de amapolas con las que se te ve en la foto?

**EM:** La foto me la hicieron cuando estaba en el Master en Biología evolutiva de la UMA y trabajaba con el Dr. Antonio Matas estudiando semillas de amapolas. Ya luego cuando terminé el el master empecé a hacer la Tesis Doctoral en evolución de cianobacterias a cargo del Dr. Antonio Flores y la Dra. M. Jesús García Sánchez.

**FJV:** Hablemos de esa primera etapa ¿Qué lleva a una bióloga evolutiva a estudiar semillas de amapola?

**EM:** La semilla de amapola tiene una gran importancia gastronómica; se usa en panadería, repostería, bebidas como zumos o infusiones... Hice mi Trabajo de Fin de Master sobre la relación entre la evolución del tamaño de las semillas y de las piezas de la flor, a partir de que una empresa que producía dichas semillas tenía problemas con su viabilidad y el transporte de las plantas.

**FJV:** ¿Y de dónde surgió el giro hacia las cianobacterias?

**EM:** Estaba terminando el master y Antonio Flores se puso en contacto conmigo para hablarme de su proyecto, y yo además siempre he sido una enamorada de las

cianobacterias. Fue una gran casualidad poder estudiar la evolución de estos microorganismos procariontes, que son el principio de la vida casi como la conocemos actualmente.

**FJV:** Entonces dejaste una línea de investigación aplicada por otra básica ¿Cómo le explicarías a cualquiera que encuentres por la calle que eso a lo que ahora te dedicas es también importante?

**EM:** Soy bastante defensora de la investigación en ciencia básica, conocimiento elemental de cómo funcionan los elementos que existen en la naturaleza. Además las cianobacterias son importantes porque son bacterias que realizan gran parte de la fotosíntesis en nuestro planeta, por lo que son combatientes del cambio climático en cuanto a que secuestran CO<sub>2</sub> al igual que lo hacen los árboles o las algas. Además ellas fueron las primeras en realizar la fotosíntesis y liberar O<sub>2</sub> como desecho a la atmósfera hace aproximadamente 2.3 millones de años, produciendo un cambio global que obligó a que todos los organismos surgidos después de ellas tuviesen que adaptarse y evolucionar haciendo uso del oxígeno a pesar de ser oxidante. Fueron los agentes del cambio a la configuración del mundo tal y como lo conocemos actualmente.

**FJV:** Supongo que estudiar la evolución en estos organismos no es tan vistoso como fueron los pinzones de Darwin, aunque seguro que tienen más ventajas como

la velocidad a la que se obtienen resultados ¿No?

**EM:** Claro, puedes obtener réplicas de 8-10 millones de individuos, todo en una pequeña habitación en cabinas de cultivo y consiguiendo 1,5 generaciones cada dos días. Y la especie con la que trabajo no es de las que se reproducen más rápido... Imagina experimentos de evolución con animales y en concreto con mamíferos; seguramente sean más vistosos y la gente vea más relación directa a nosotros ¿Qué tenemos que ver nosotros con una bacteria verde? Seguro que se plantea mucha gente. Pero para esos experimentos se requiere mayores recursos, sobre todo espacio, y obtener generaciones nuevas puede suponer meses o incluso años.



Elena Martín Clemente es economista y bióloga; en el momento de la fotografía trabajaba en la Universidad de Málaga estudiando semillas de amapola bajo la supervisión del investigador «Ramón y Cajal» Antonio Matas Arroyo. Actualmente está haciendo su Tesis en evolución de cianobacterias a cargo del Dr. Antonio Flores y la Dra. M. Jesús García Sánchez. Le gustaría ayudar a crear una economía verde que anteponga los recursos naturales por encima del resto de objetivos económicos. Créditos de la fotografía: Juan Miguel Pérez Ramos ([jmiguelperez.com](http://jmiguelperez.com))

**FJV:** Hablaste de su importancia respecto al cambio climático, recuerdo haber leído en alguna parte que la subida de temperatura está provocando que una cianobacteria que vive dentro de los corales salga y provoquen el «coral bleaching» o muerte del coral por falta de alimento ¿Tiene algo que ver tu investigación en este fenómeno?

**EM:** Los corales tienen simbiosis pero no con cianobacterias sino con algas unicelulares conocidas como zooxantelas. Estas son super sensibles a los cambios de temperatura y huyen del coral cuando esta aumenta. Para nosotros medio grado puede ser un cambio ciertamente insignificante, sin embargo a escala microbiana pueden ser fatal y provocarles la muerte.

**FJV:** Bueno y respecto a tu perspectiva profesional ¿Cómo lo llevas?

**EM:** Pues estoy terminando la tesis doctoral, enviado los papers a las revistas y rezando para que me los acepten... Y después en unos meses cuando la lea mi perspectiva es irme de España y hacer un postdoc.

**FJV:** ¿Has sentido que en tu ámbito de botánica existe mayor dificultad para investigar respecto a otros campos como la biomedicina?

**EM:** Es un mundo muy competitivo y ahora a mi nivel de formación tu CV son los papers que has logrado sacar adelante y ya en el futuro pues será el de proyectos que te concedan. Es cierto que hay ambientes de la biología que son más proclives para publicar artículos; por ejemplo dentro de la botánica las cianobacterias podría ser de los temas más productivos, pero en otros ambientes como la genética y la biomedicina es mucho más fácil y cualquier pequeño avance se puede ver como digno de publicarse mientras que en mi caso tenemos que juntar muchas cosillas para conseguir un buen paper. Eso hace que un botánico pueda acabar la tesis con tres artículos y alguien de biomedicina tenga esos mismos ya durante su primer año gracias a colaboraciones con otros equipos de temas similares. Por ello creo firmemente que no todos los ámbitos son iguales.

**FJV:** Bueno esta revista va dirigida en parte a estudiantes de biología que en el futuro querrán ser investigadores ¿A qué les dirías que tendrán que atenerse?

**EM:** Es mucho trabajo, muy sacrificado y realmente pones tu vida en ello. Un experimento que te salga mal, una muestra que se te contamina... Supone un estrés que te quita el sueño una o varias semanas, no es un trabajo normal; debe fascinarte y estar convencido de que no te ves haciendo otra cosa, y si te lo propones se puede llevar adelante. A lo mejor si eres de Málaga toda tu vida y te quieres quedar en la Universidad pues lo tendrías más complicado, pero le diría a la gente que está empezando que aprovechen todas las oportunidades posibles y veo como necesario huir de la endogamia, irse fuera de España varios años para aprender cosas nuevas y volver con cosas nuevas que aportar.

**FJV:** Me alegro de que cerremos esta entrevista con unas palabras con dosis tan realistas y con toques de ánimo, espero que todo vaya bien con esa Tesis y sigas «evolucionando» en tu carrera investigadora ¡Muchas gracias por colaborar!

## *Escribir bien no cuesta trabajo*

### Los prefijos van pegados a la raíz

#### Ante la duda, pégalos:

Seguro que a nadie, ni en inglés ni en español, se le ocurre separar el prefijo multiplicativo de las unidades. Siempre pondremos kilogramo como kg y no <sup>⊗</sup>k-g,<sup>1</sup> milímetro como mm y no <sup>⊗</sup>m-m y petabyte como PB y no <sup>⊗</sup>P-B. Tampoco se plantea nadie escribir un sufijo separado de la raíz:

- <sup>⊗</sup>cañon-azo,
- <sup>⊗</sup>transamin-asa,
- <sup>⊗</sup>gluconeo-génico.

Pero más de uno dudará si hay que separar el prefijo en casos como

- minipreparación/<sup>⊗</sup>mini-preparación,
- coexpresión/<sup>⊗</sup>co-expresión, o
- antiovino/<sup>⊗</sup>anti-oveja.

El origen de tal duda está, cómo no, en el inglés. En el idioma de Shakespeare, los prefijos suelen ir separados de la raíz por una semirraya (–), aunque a veces aparece erróneamente un guion (-). En español no calcamos en absoluto este uso, sino que *escribimos los prefijos siempre pegados a la raíz*, incluso cuando el término contiene varios prefijos. Valgan de ejemplo:

- minipreparación, gluconeogénesis,
- nanotecnología, exdirector, antihumano,
- cotutor, superparapsicológico,
- cuasirrealista, antipolillas,
- desoxirribonucleico, antihipertensores....

Por tanto, podemos decir que la máxima **ante la duda, une el prefijo a la raíz** nos evitará muchos errores cuando nos basamos en lo que leemos en inglés, como en los siguientes casos:

- *co-expression* → coexpresión;
- *self-service* → autoservicio;
- *exo-polysaccharide* → exopolisacárido;
- *pre-operative* → preoperatorio.

#### Introduce las modificaciones necesarias:

En español, *delante de «p» y de «b» siempre se escribe «m» y nunca «n»*, por lo que debes tener cuidado con los prefijos que acaban en «n» si la raíz es una palabra que empieza por «p» o «b». Por ejemplo:

- imborrable, imbatible, imbebible,
- imponderable, imperecedero, impúdico,
- impagable, imprudente.

Las reglas ortográficas del español también obligan a *duplicar la «r» intervocálica* (se escriba como se escriba en otros idiomas). Así que cuando un prefijo se une a una raíz que empieza por «r», habrá que duplicarla:

- antirromano, irreal, prerrecombinatorio,
- vicerector, fosforribonucleico, correlación,
- prorenina, prerretiniano...

Por supuesto, no se duplica si queda entre consonantes:

- subrayar, exrector, desrizar...

#### Sin duplicación de consonantes (post- y sub-):

Uno de los prefijos problemáticos que más se utilizan en los textos especializados es «post-» para indicar posterioridad. En inglés suele aparecer siempre con todas sus letras, pero en español, tras muchos años de dudas y bandazos, debemos *suprimir la «t»*, salvo cuando la raíz comienza por «s» para evitar la duplicación «ss»:

- *postscript* → posdata, epílogo;
- *post-doctoral* → posdoctoral;
- *post-graduate* → posgraduado;
- *post-natal* → posparto;
- *post-operative* → posoperatorio;
- postsocialismo.

De hecho, hay que eliminar la duplicación cuando al juntar el prefijo a la raíz quedan dos consonantes iguales juntas. Acabamos de ver que con el prefijo post- se hace manteniendo la t, pero en el caso de «sub-», a veces se mantiene la «bb»:

- subboreal o subbase,

y otras veces se suprime una de las b:

- subranquial y subrigadier.

<sup>1</sup>recuerda que el símbolo <sup>⊗</sup> indica que el término es incorrecto

**Peculiaridades de anti-:**

Si con «post-» solemos meter la pata, con «anti-» no damos una. En inglés, suele aplicarse a un sustantivo con función adjetiva, por lo que debería traducirse en español por un adjetivo y no un sustantivo. En estos casos se ve muy claro:

- *anti-abortion campaign* → campaña antiabortista, y no ⊗ antiaborto;
- *antiherpes drugs* → antiherpéticos, y no ⊗ antiherpes;
- *anti-mouse antibodies* → anticuerpos antimurinos, y no ⊗ antirratón, y mucho menos ⊗ antiratón o ⊗ anti-ratón.

Cuando se quiera mantener de forma explícita el sustantivo modificado por anti-, entonces es mejor utilizar la preposición contra:

- *anti-abortion campaign* → campaña contra el aborto;
- *anti-tubulin agent* → fármaco contra la tubulina (antitubulínico);
- *anti-cancer drug* → fármaco contra el cáncer, o bien fármaco antineoplásico;
- colchón contra escaras, mejor que colchón anti-escaras;
- *anti-dandruff shampoo* → champú contra la caspa, mejor que champú anticaspa.

En este último ejemplo, y en otros muchos, el uso impropio de anti- con un sustantivo en función adjetiva se ha extendido de tal manera que parece imposible luchar contra ello.

**Sin duplicación de vocal:**

Con la publicación de la *Ortografía*, la RAE deja claro por primera vez qué hay que hacer cuando en la unión del prefijo a la raíz queda una vocal duplicada. Lo correcto desde 2010 es *simplificarlo en una única vocal*, siempre que no intermedie una hache y que se pueda identificar sin dudas el término que confluye con el prefijo. De esta forma, lo recomendado ahora es:

extrabdominal, infralimentar, contrataque, restablecer, ultracadémico, sobrescribir, prelegir, antincendio, mininvestigación...

mientras que se mantiene en

semiilegal, reenunciar, ultraamoral, semihilo, ....

Como no hay regla sin sus excepciones, no podemos quitar la o del prefijo «co-» para que no se quede sin vocal, ni del prefijo «bio-» para no confundirlo con «bi-»:

cooperar, coorganizar, biooceánico, biooxidación...

Pero ojo a los casos en los que la doble vocal se deba a la formación de términos por la nomenclatura química, en cuyo caso la IUPAC defiende que no hay que suprimir ninguna doble vocal (con la excepción de monóxido). Así que seguiremos escribiendo diisocianato y alfaamilasa (solo cuando no se pueda poner α-amilasa).

**La n de trans-/tras-:**

Los científicos tendemos a escribir siempre las 5 letras de «trans-» por copia irreflexiva de lo que se hace en inglés. Sin embargo, conviene saber que en español se tiende a preferir la forma más suave tras-, por lo que la mayoría de los términos son correctos con y sin «n», como:

Transalpino/trasalpino, transpirenaico/traspirenaico, translúcido/traslúcido, trascendental/trascendental, transcripción/trascricpción, trascurso/trascuro, transferente/trasferente, transformar/trasformar, transfusión/trasfusión, translocación/traslocación, transmitir/trasmitir, transmutar/trasmutar, transparente/trasparente, transpirar/traspirar, transponer/trasponer, entre otros.

De lo anterior podemos deducir que *transmembrane* como adjetivo se puede traducir por *transmembranario/trasmembranario*, así como *transmembranal/trasmembranal* —cuidado, que *transmembrana/trasmembrana* solo es sustantivo—.

Cuando la raíz a modificar con «trans-» empieza por «s», entonces, para evitar la duplicación de consonante, la única forma válida contiene la «n», como en:

transiberiano, transexual, transistor o transustanciar.

También se escribe con la «n» transducción.

Por último, hay otros en los que solo se admite la forma «tras-», como son:

trasladar, traspasar, trastienda... .

Mucho ojito a los términos que empieza por tras- para indicar posterioridad física o temporal, como trascoro, trasdós, trasfuego, trasmano...

**Excepciones en las que sí se separan:**

Pues sí, hay excepciones, aunque sean pocas. La primera se produce cuando el prefijo afecta a una raíz que se escribe en mayúscula (es un nombre propio), es una sigla o es un número. En estos casos, hay que separar el prefijo por un guion:

- *anti-NATO* → anti-OTAN;
- *anti-IgG* → anti-IgG;
- escritores pro-RAE;
- bioquímicos pos-Ochoa;

- selección sub-16.

La otra excepción es cuando el prefijo se aplica a una base pluriverbal (o sea, modifica a varias palabras), en cuyo caso hay que separarlo por un espacio:

- anti alcohol deshidrogenasa, aunque también sería correcto antialcohol deshidrogenasa;
- ex primer ministro;
- ex investigador principal;
- pos Martín Municio;
- pro Barack Obama.

**Para saber más:**

The Chicago Manual of Style 17th edition online [Hyphens, En Dashes, Em Dashes](#). 2017. [consulta: 25-III-19]

P. Comín Sebastián [Juntas o separadas \(2\)](#). *Autía para textos*. 2016. [consulta: 25-III-19]

M.G. Claros. [Cómo traducir y redactar textos científicos en español. Reglas, ideas y consejos](#). *Cuadernos 39*.

Fundación Dr. Antonio Esteve. 2017

M.G. Claros [El nanoblog del Gonz](#). 2019 [consulta: 25-III-19]

M. GONZALO CLAROS

## *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 serán inéditas o contarán 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 podrían revisarse 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) y correo electrónico. 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<sup>A</sup>T<sub>E</sub>X). Manuscritos largos pueden dividirse 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, entre corchetes en superíndice<sup>[1]</sup>. Al final del mismo, se incluirá la sección de *Bibliografía* o *Referencias* de acuerdo con el estilo del siguiente ejemplo:  
<sup>1</sup>Einstein Z y Zwestein D. Spatial integration in the temporal cortex. *Res Proc Neurophysiol Fanatic Soc* 1: 45-52, 1974.  
 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 coeditores 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.