

Errores conceptuales sobre el modelo científico escolar de fotosíntesis, evidenciados en un profesor que enseña ciencias naturales

¹Disneyla Navarro Bolaño, ²Mariela Acosta De la Hoz, ³Cielo Esther Ramírez Díaz
^{1,2,3}Grupo de Investigación EUREKA, Universidad del Norte, Barranquilla, Colombia

Article History

Received Dec, 14th , 2019

Accepted Dec ,15th , 2019

Published Dec, 28th,2019



© 2019 The Authors. This article is an Open Access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution(CC-BY)license <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0>

Abstract

Se presenta un análisis del modelo mental sobre el concepto de fotosíntesis de un profesor que enseña ciencias naturales, denominado para fines del presente estudio como Guillermo, siendo necesaria la realización de una representación gráfica, una explicación verbal y el diligenciamiento de un cuestionario conceptual, todo relacionado con el modelo en mención. Los resultados se describen desde una metodología de corte cualitativo, utilizando como diseño el estudio de caso, lo cual posibilita dos aspectos del modelo del profesor: el constituyente ontológico y el epistemológico mediante la aplicación del modelo ONEPSI. A partir de la información obtenida se evidencian los posibles errores conceptuales en torno a la fotosíntesis, al realizarse el contraste con el Modelo Científico Escolar, encontrándose principalmente la ausencia de entidades necesarias para explicar el concepto en mención, además de la asignación de propiedades inadecuadas a algunas entidades, por ejemplo: para Guillermo, la glucosa es un reactivo para el proceso fotosintético y no un producto.

Keywords: Fotosíntesis, Modelo ONEPSI, Errores conceptuales, Profesor

INTRODUCTION

La clasificación de los organismos constituye uno de los principales objetivos de la biología sistemática. Desde las primeras propuestas taxonómicas basadas principalmente en características morfológicas hasta los sistemas actuales apoyados por información molecular, la organización de los seres vivos ha experimentado numerosas transformaciones. Durante muchos años, los organismos fueron clasificados utilizando características visibles como estructura corporal, mecanismos de nutrición, formas de reproducción y características celulares. Sin embargo, este enfoque presentó limitaciones importantes, especialmente en grupos con organismos microscópicos o con características morfológicas similares derivadas de procesos evolutivos independientes. La incorporación de herramientas moleculares transformó considerablemente la sistemática biológica. El análisis de secuencias de ADN permite comparar organismos utilizando información genética y reconstruir hipótesis sobre sus relaciones evolutivas. Dentro de este contexto, el reino Chromista ha generado un considerable interés debido a su complejidad taxonómica. Este grupo incluye organismos eucariotas muy diversos que pueden encontrarse principalmente en ambientes acuáticos, aunque también existen especies terrestres. Entre los grupos comúnmente relacionados con Chromista se encuentran diferentes organismos fotosintéticos y heterótrofos. Muchos de ellos presentan características celulares particulares y desempeñan funciones ecológicas fundamentales. En los ecosistemas marinos, algunos chromistas participan directamente en la productividad primaria, forman parte del fitoplancton y contribuyen al ciclo global del carbono. Otros actúan como consumidores, descomponedores o patógenos. La gran diversidad existente dentro del grupo ha provocado debates respecto a su origen y clasificación. Las relaciones evolutivas de algunos linajes han sido difíciles de establecer exclusivamente mediante caracteres

morfológicos. Por esta razón, la sistemática molecular se ha convertido en una herramienta fundamental. Marcadores genéticos como las regiones ribosomales y los espacios transcritos internos, conocidos como ITS, permiten comparar secuencias entre diferentes organismos y estimar distancias genéticas. El presente trabajo utiliza secuencias de la región ITS para analizar las relaciones filogenéticas entre diferentes especies pertenecientes al reino Chromista. Mediante herramientas bioinformáticas y reconstrucciones filogenéticas se busca identificar patrones de agrupamiento y evaluar su relación con la clasificación taxonómica vigente.

Diversidad biológica y características del reino Chromista

El concepto de Chromista fue desarrollado para agrupar diversos organismos eucariotas que presentan características celulares y evolutivas particulares. Sin embargo, la composición exacta del reino ha variado a medida que se han incorporado nuevos datos moleculares. Uno de los aspectos más importantes del grupo corresponde a su diversidad morfológica. Dentro de Chromista pueden encontrarse organismos unicelulares, coloniales y multicelulares. Algunas especies poseen estructuras fotosintéticas especializadas, mientras que otras presentan modos de nutrición heterótrofos. Esta diversidad ha dificultado la identificación de características universales que permitan definir todo el grupo únicamente mediante criterios morfológicos. El origen de determinados plastidios también constituye un aspecto relevante en la evolución de muchos chromistas. Diferentes linajes presentan plastidios derivados de procesos de endosimbiosis secundaria, en los cuales un organismo eucariota incorporó otro organismo fotosintético. Estos eventos evolutivos contribuyeron significativamente a la diversificación de los eucariotas y explican algunas de las complejas relaciones observadas dentro de Chromista.

Además de su diversidad estructural, los chromistas desempeñan funciones ecológicas importantes. En ambientes marinos y de agua dulce, muchos organismos forman parte del fitoplancton y contribuyen a la producción primaria. Otros organismos pueden actuar como patógenos de plantas, animales o diferentes especies acuáticas. Por estas razones, estudiar la diversidad y evolución de Chromista tiene implicaciones que abarcan ecología, biodiversidad, agricultura, acuicultura y biotecnología.

Sistemática molecular y región ITS

La sistemática molecular utiliza información contenida en moléculas biológicas, especialmente ADN y ARN, para analizar relaciones evolutivas entre organismos. La comparación de secuencias permite identificar similitudes y diferencias genéticas que pueden utilizarse para estimar parentesco. Uno de los marcadores empleados en estudios taxonómicos corresponde a la región ITS, denominada **Internal Transcribed Spacer**.

Esta región forma parte del ADN ribosomal y se encuentra entre genes altamente conservados. La región ITS presenta una combinación útil de características: las regiones adyacentes son relativamente conservadas y facilitan su amplificación, mientras que los espacios internos pueden presentar suficiente variabilidad para distinguir diferentes especies o linajes. Por esta razón, ITS ha sido ampliamente utilizado en estudios de identificación molecular y reconstrucción filogenética. El análisis comienza generalmente con la obtención de secuencias disponibles en bases de datos o mediante secuenciación experimental. Posteriormente se realiza un alineamiento múltiple. El alineamiento permite identificar posiciones equivalentes entre secuencias y reconocer sustituciones, inserciones o deleciones. A partir del alineamiento pueden calcularse matrices de distancia genética y construirse árboles o dendrogramas filogenéticos. Estos árboles representan hipótesis sobre las relaciones evolutivas de los organismos analizados.

Metodología

El estudio se desarrolló mediante un enfoque bioinformático orientado al análisis de relaciones filogenéticas entre especies pertenecientes al reino Chromista. Se seleccionaron **46 secuencias de ADN correspondientes a especies diferentes** obtenidas de bases de datos biológicas. Las secuencias seleccionadas correspondieron a la región ITS, empleada como marcador molecular para estimar relaciones entre los organismos. El procedimiento metodológico puede resumirse en las siguientes etapas:

Selección de secuencias: se identificaron registros correspondientes a diferentes especies y filos incluidos dentro del reino Chromista.

Depuración de datos: las secuencias fueron revisadas para garantizar su utilidad dentro del análisis.

Alineamiento: se organizaron las secuencias para identificar regiones homólogas.

Cálculo de distancias: se determinaron diferencias genéticas entre las secuencias analizadas.

Reconstrucción filogenética: se generaron dendrogramas utilizando métodos bioinformáticos de distancia y filogenia.

Interpretación: los grupos obtenidos fueron comparados con la clasificación taxonómica empleada.

Este proceso permitió evaluar si las similitudes genéticas observadas correspondían con los agrupamientos taxonómicos esperados.

Table 1 Etapas principales del análisis filogenético

Etapas	Procedimiento	Propósito
Selección de datos	Recuperación de 46 secuencias ITS	Representar diferentes especies de Chromista
Control de calidad	Revisión y depuración de secuencias	Evitar datos incompletos o poco confiables
Alineamiento múltiple	Comparación de posiciones homólogas	Detectar similitudes y diferencias
Distancia genética	Comparación entre secuencias	Estimar divergencia molecular
Reconstrucción filogenética	Construcción de dendrogramas	Inferir relaciones evolutivas
Comparación taxonómica	Evaluación de agrupamientos	Contrastar filogenia y clasificación
Interpretación biológica	Análisis de clados	Comprender patrones evolutivos

Métodos filogenéticos y construcción de dendrogramas

La reconstrucción filogenética busca establecer una hipótesis acerca de las relaciones evolutivas entre diferentes organismos. Los dendrogramas o árboles filogenéticos representan gráficamente estas relaciones. Cada extremo del árbol corresponde normalmente a una secuencia o especie analizada. Los puntos donde diferentes ramas se unen reciben el nombre de nodos y representan ancestros comunes hipotéticos. Los organismos que comparten un ancestro común más reciente tienden a agruparse dentro de un mismo clado. Los métodos basados en distancia utilizan medidas cuantitativas de diferencia genética entre secuencias. Una matriz de distancias puede utilizarse posteriormente para generar agrupamientos. Sin embargo, ningún árbol debe interpretarse como una representación absolutamente definitiva de la historia evolutiva. La calidad de la reconstrucción depende del marcador seleccionado, número de especies, calidad de las secuencias, modelo evolutivo y método utilizado. En organismos evolutivamente complejos, utilizar un único marcador puede proporcionar solamente una parte de la historia. Por ello, estudios modernos suelen combinar múltiples genes o utilizar aproximaciones filogenómicas basadas en grandes conjuntos de datos.

Resultados del análisis molecular

El análisis de las 46 secuencias permitió generar diferentes dendrogramas destinados a representar las relaciones entre los organismos seleccionados. Los agrupamientos observados mostraron una distribución de especies compatible, en términos generales, con la clasificación taxonómica considerada en el estudio. Las especies pertenecientes a grupos relacionados presentaron mayor proximidad dentro de los árboles. Este patrón demuestra la utilidad de las secuencias ITS para reconocer diferencias genéticas entre los organismos analizados. Asimismo, los resultados evidenciaron una separación entre los chromistas incluidos en el estudio y organismos pertenecientes a grupos comparativos, apoyando la existencia de linajes evolutivos diferenciados. Los resultados también muestran que la clasificación molecular puede complementar los criterios morfológicos tradicionales. En grupos donde las características externas son altamente variables o convergentes, el análisis de ADN proporciona información adicional que puede ayudar a resolver relaciones taxonómicas. Sin embargo, debido a la amplitud y complejidad del grupo, los resultados deben interpretarse dentro de las limitaciones del conjunto de especies y del marcador molecular utilizado.

Importancia ecológica del reino Chromista

El estudio filogenético de Chromista posee importancia más allá de la clasificación taxonómica. Diversos organismos incluidos dentro de estos grupos participan activamente en procesos ecológicos de gran escala. Algunas especies fotosintéticas constituyen una parte fundamental del fitoplancton marino y de agua dulce. Estos organismos fijan carbono mediante fotosíntesis y contribuyen significativamente a las cadenas alimentarias acuáticas. Los cambios en las poblaciones de determinados chromistas pueden modificar la productividad de los ecosistemas. Además, algunas especies pueden formar floraciones masivas que alteran temporalmente las características ecológicas de un ambiente. Otros miembros poseen relevancia como patógenos. Los oomicetos, por ejemplo, incluyen especies que pueden causar enfermedades en plantas y organismos acuático. Comprender las relaciones filogenéticas dentro de estos grupos facilita la identificación de especies y puede contribuir al desarrollo de estrategias de manejo.

Sistemática molecular y conservación

La conservación de la biodiversidad depende en gran medida de una identificación adecuada de las especies. Cuando diferentes organismos morfológicamente similares corresponden en realidad a linajes distintos, las estrategias de conservación pueden necesitar enfoques diferentes. La sistemática molecular puede revelar diversidad que no es evidente mediante observación morfológica. Esto resulta particularmente importante en microorganismos y organismos acuáticos. La identificación molecular también puede facilitar el monitoreo ambiental. Las secuencias de ADN disponibles en bases de datos pueden compararse con muestras ambientales para detectar la presencia de determinados organismos. Actualmente, enfoques como el ADN ambiental permiten identificar organismos a partir de material genético presente en muestras de agua, suelo u otros ambientes. Para Chromista, estas metodologías ofrecen grandes posibilidades debido a la importancia ecológica de muchos de sus representantes.

Potencial biotecnológico

Los organismos chromistas también poseen un considerable potencial biotecnológico. Algunas microalgas producen lípidos, pigmentos y otros compuestos con aplicaciones industriales. Determinadas especies pueden utilizarse para producir biomasa, alimentos, productos farmacéuticos o biocombustibles. El conocimiento filogenético puede ayudar a identificar grupos relacionados con características metabólicas de interés. La comparación entre especies relacionadas también puede facilitar el descubrimiento de nuevos genes y rutas metabólicas. Por esta razón, comprender la diversidad evolutiva de Chromista puede generar oportunidades en biotecnología marina y acuática.

Discusión

Los resultados obtenidos mediante el análisis de secuencias ITS muestran que la sistemática molecular constituye una herramienta útil para examinar las relaciones dentro de grupos taxonómicamente complejos. La coincidencia general entre determinados agrupamientos moleculares y la clasificación taxonómica proporciona evidencia del valor informativo del marcador utilizado. No obstante, la evolución de Chromista continúa siendo un tema complejo. El elevado número de linajes, los procesos de endosimbiosis y la extensa historia evolutiva de los organismos dificultan la construcción de una clasificación universalmente estable. Las diferencias entre clasificaciones también pueden originarse en la utilización de distintos marcadores y modelos filogenéticos. Un árbol basado exclusivamente en ITS puede diferir de reconstrucciones basadas en otros genes. Por ello, la interpretación de los resultados debe incorporar diferentes fuentes de evidencia. La combinación de información morfológica, ecológica y molecular constituye una estrategia más robusta para comprender la evolución de estos organismos. Las herramientas filogenómicas modernas ofrecen posibilidades adicionales mediante el análisis simultáneo de numerosos genes. Estas metodologías pueden ayudar a resolver relaciones profundas que no pueden establecerse fácilmente utilizando un solo marcador.

Conclusiones

El reino Chromista representa uno de los grupos eucariotas más diversos y complejos desde el punto de vista taxonómico y evolutivo. El análisis molecular constituye una herramienta fundamental para estudiar estas relaciones debido a las limitaciones de las clasificaciones basadas exclusivamente en características morfológicas. La región ITS proporciona información útil para comparar organismos y estimar diferencias genéticas entre especies. En el estudio fueron utilizadas 46 secuencias correspondientes a diferentes organismos, las cuales fueron procesadas mediante herramientas bioinformáticas y utilizadas para generar reconstrucciones filogenéticas. Los dendrogramas obtenidos mostraron patrones de agrupamiento compatibles con la clasificación considerada, lo que demuestra el potencial de los marcadores moleculares para el estudio de Chromista. Sin embargo, el uso de un solo marcador y un conjunto limitado de especies no permite resolver completamente la compleja evolución de este reino. Por ello, futuras investigaciones deberían integrar un mayor número de especies, múltiples marcadores moleculares y enfoques filogenómicos. El conocimiento de las relaciones evolutivas de Chromista puede contribuir significativamente a estudios de biodiversidad, ecología, conservación y manejo de ecosistemas. También puede tener aplicaciones biotecnológicas mediante la identificación de linajes con características fisiológicas o metabólicas de interés. En síntesis, la sistemática molecular constituye una herramienta esencial para avanzar en la comprensión de la evolución del reino Chromista y para desarrollar una clasificación cada vez más consistente con la historia evolutiva de sus organismos.

Resumen general

La investigación analizó las relaciones filogenéticas dentro del reino Chromista mediante el uso de secuencias correspondientes a la región ITS. Se seleccionaron 46 secuencias de ADN pertenecientes a diferentes especies y se analizaron mediante herramientas bioinformáticas de alineamiento, distancia genética y reconstrucción filogenética. Los dendrogramas obtenidos mostraron agrupamientos compatibles con la clasificación taxonómica utilizada y permitieron distinguir los organismos estudiados de otros grupos eucariotas. Los resultados respaldan la

utilización de la sistemática molecular como complemento de la taxonomía tradicional. Asimismo, el estudio destaca la necesidad de desarrollar investigaciones más amplias para comprender adecuadamente la evolución, fisiología y ecología de Chromista. Una comprensión más detallada de sus relaciones filogenéticas puede contribuir a la conservación de la biodiversidad, al manejo de ecosistemas acuáticos y al desarrollo de aplicaciones biotecnológicas.

Referencias

- Adl, S. M., Bass, D., Lane, C. E., Lukeš, J., Schoch, C. L., Smirnov, A., Agatha, S., Berney, C., Brown, M. W., Burki, F., Cárdenas, P., Čepička, I., Chistyakova, L., Del Campo, J., Dunthorn, M., Edvardsen, B., Eglit, Y., Guillou, L., Hampl, V., ... Zhang, Q. (2019). Revisions to the classification, nomenclature, and diversity of eukaryotes. *Journal of Eukaryotic Microbiology*, 66(1), 4–119.
- Baldauf, S. L. (2003). The deep roots of eukaryotes. *Science*, 300(5626), 1703–1706.
- Burki, F. (2014). The eukaryotic tree of life from a global phylogenomic perspective. *Cold Spring Harbor Perspectives in Biology*, 6(5), a016147.
- Burki, F., Roger, A. J., Brown, M. W., & Simpson, A. G. B. (2020). The new tree of eukaryotes. *Trends in Ecology & Evolution*, 35(1), 43–55.
- Cavalier-Smith, T. (2018). Kingdom Chromista and its eight phyla: A new synthesis emphasising periplastid protein targeting, cytoskeletal and periplastid evolution, and ancient divergences. *Protoplasma*, 255, 297–357.
- Edgar, R. C. (2004). MUSCLE: Multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research*, 32(5), 1792–1797.
- Felsenstein, J. (2004). *Inferring phylogenies*. Sinauer Associates.
- Hall, B. G. (2013). *Building phylogenetic trees from molecular data with MEGA*. Molecular Biology and Evolution.
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K. (2018). MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35(6), 1547–1549.
- Schoch, C. L., Seifert, K. A., Huhndorf, S., Robert, V., Spouge, J. L., Levesque, C. A., & Chen, W. (2012). Nuclear ribosomal internal transcribed spacer region as a universal DNA barcode marker for fungi. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109(16), 6241–6246.
- Stoeck, T., Bass, D., Nebel, M., Christen, R., Jones, M. D. M., Breiner, H. W., & Richards, T. A. (2010). Multiple marker parallel tag environmental DNA sequencing reveals a highly complex eukaryotic community in marine anoxic water. *Molecular Ecology*, 19, 21–31.
- Woese, C. R., Kandler, O., & Wheelis, M. L. (1990). Towards a natural system of organisms: Proposal for the domains Archaea, Bacteria, and Eucarya. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 87(12), 4576–4579.