

# **NUEVAS TECNOLOGÍAS APLICADAS A LA ACTIVIDAD FÍSICA Y EL DEPORTE**

**Moya Ramón, M; Vera-García, F J; López Elvira, J L; Aracil Marco, A; Reina Vaillo, R;  
Gutiérrez Aguilar, O; Paredes Ortiz, J.**

Sumario: *I. Introducción.- II. La tecnología aplicada a la investigación en biomecánica.- II.1 La electromiografía. II.2 Goniometría electrónica. II.3 Modelos matemáticos computerizados. II.4 La fotogrametría. II.5 Dinamometría con plataforma de fuerzas.- III. Nuevas tecnologías biomédicas aplicadas a la actividad física y el deporte: microchips de ADN. III.1 Genoma y microchips de ADN. III.2 Microchips de ADN en la actividad física y el deporte. III.3 Limitaciones y perspectivas de futuro.- IV. Conclusiones.- V. Referencias bibliográficas.*

# NUEVAS TECNOLOGÍAS APLICADAS A LA ACTIVIDAD FÍSICA Y EL DEPORTE

Sumario: *I. Introducción.- II. La tecnología aplicada a la investigación en biomecánica.- II.1 La electromiografía. II.2 Goniometría electrónica. II.3 Modelos matemáticos computerizados. II.4 La fotogrametría. II.5 Dinamometría con plataforma de fuerzas.- III. Nuevas tecnologías biomédicas aplicadas a la actividad física y el deporte: microchips de ADN. III.1 Genoma y microchips de ADN. III.2 Microchips de ADN en la actividad física y el deporte. III.3 Limitaciones y perspectivas de futuro.- IV. Conclusiones.- V. Referencias bibliográficas.*

**Resumen:** En la actualidad, el amplio impulso tecnológico está influyendo sobre medida en el avance de las Ciencias de la Actividad Física y el Deporte. El desarrollo científico y tecnológico “alimenta y se alimenta” del deporte, ayudando en la consecución de los logros deportivos. Los avances alcanzados en el ámbito del deporte acaban trasvasándolo y utilizándose con otras orientaciones y colectivos más cercanas a la salud y la recreación. Vamos a revisar en el presente artículo dos ámbitos científicos que están siendo básicos en esta dinámica: el biomecánico y el biomédico.

Presentamos en primer lugar cinco técnicas habituales en la investigación en Biomecánica, así como algunos ejemplos de su utilización. En la segunda parte del documento, describiremos que son los microchips de ADN, que resultados se han obtenido con ellos en el ámbito de la actividad física y del deporte, así como la discusión de su utilidad para la mejor comprensión de los efectos de la actividad física sobre el organismo humano, sus limitaciones y las perspectivas futuras.

**Palabras clave:** rendimiento, salud, biomecánica, genoma, “microchips de ADN”.

## **I. Introducción.**

En el ámbito de las Ciencias de la actividad física y el deporte, resulta indispensable aplicar los conocimientos y principios de la Física al estudio del cuerpo humano, el movimiento y sus causas; así

como conocer y controlar los efectos moduladores que produce la práctica regular de actividad física sobre la fisiología de varios de los principales sistemas del organismo humano. Toda disciplina científica utiliza una serie de técnicas y métodos que deben ser conocidos adecuadamente por sus profesionales para desempeñar su labor eficazmente. La Biomecánica es la disciplina científica que se ocupa de estudiar los fenómenos físicos (un lanzamiento, un desequilibrio, el impacto con el suelo en la carrera, etc.), necesitando de la tecnología para medir diferentes variables biológicas y mecánicas. Algunas de estas variables son complejas y para su medición requieren de instrumentos sofisticados. Precisamente, uno de los objetivos de la Biomecánica es el desarrollo y la mejora de la tecnología para su uso en esta y otras disciplinas.

Conocer en detalle los mecanismos íntimos por los que se dan las adaptaciones fisiológicas resulta crucial tanto para explicar los beneficios que la actividad física tiene para la salud, como para la adecuada programación y periodización de las cargas de actividad física en el entrenamiento deportivo, particularmente en el caso del deporte profesional, también denominado deporte de élite o de alto rendimiento. En ambas situaciones, es preciso, además, considerar la variabilidad individual en las respuestas biológicas al ejercicio físico, una variabilidad que en estos momentos se presupone relacionada con la diferente dotación genética de cada individuo.

Comenzaremos pues, por presentar cinco técnicas habituales en la investigación en Biomecánica, así como algunos ejemplos de su utilización.

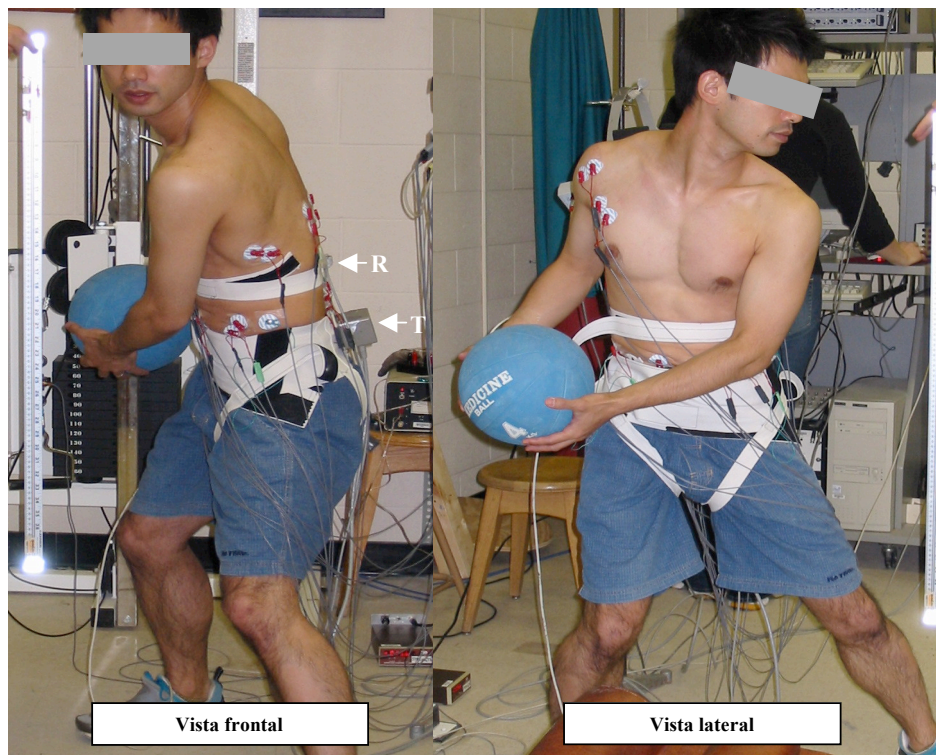
## **II. La tecnología aplicada a la investigación en biomecánica.**

### **II.1 La electromiografía (EMG).**

La EMG es una técnica para el estudio de la función neuromuscular a través del registro, procesamiento y análisis de la actividad eléctrica que emanan las fibras musculares durante la activación muscular (señales mioeléctricas). Esta técnica permite estudiar la intensidad de la activación y la coordinación de los músculos durante la ejecución de diferentes movimientos o durante el mantenimiento de diversas posturas. Asimismo, facilita tanto el análisis de la fatiga muscular en ejercicios y deportes de resistencia, como el estudio de la respuesta refleja y voluntaria de los músculos durante el control de la estabilidad y el equilibrio corporal.

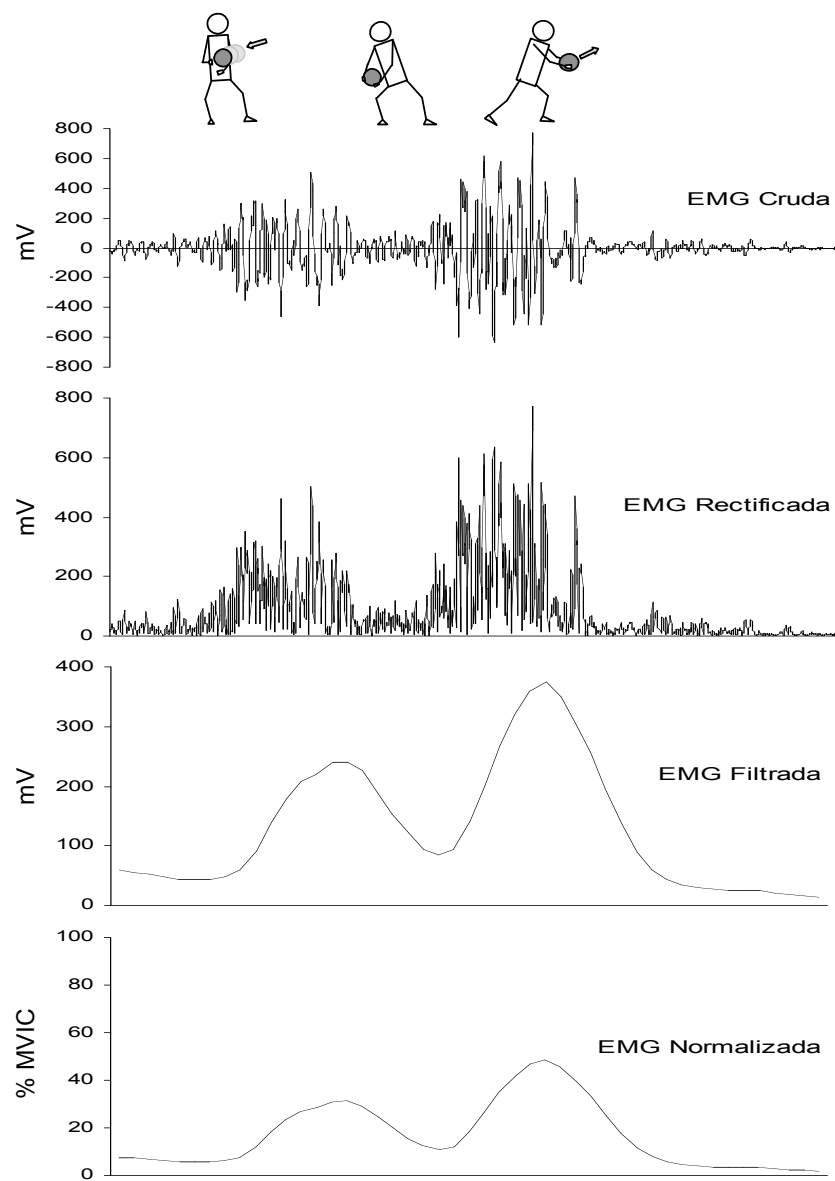
Para el registro de las señales EMG se colocan electrodos en la superficie o el interior del músculo (figura 1). Previamente, se prepara la piel mediante protocolos establecidos a tal efecto (De Luca, 1997; Merletti y Parker, 2006).

El tratamiento y el análisis de las señales EMG se pueden realizar en el dominio de la amplitud, del tiempo o de la frecuencia (De Luca, 1997; Kamen, 2004; Merletti y Parker, 2006). Por ejemplo, si queremos conocer la intensidad de la contracción del músculo pectoralis mayor durante la recepción y el lanzamiento de un balón medicinal (análisis en el dominio de la amplitud y el tiempo), podemos rectificar, filtrar y normalizar la señal EMG respecto a la máxima capacidad de activación muscular (figura 2). Esto nos permitirá conocer la intensidad de la contracción muscular del músculo referido a lo largo de toda la tarea. Asimismo, si registramos otros músculos del hombro, del tronco o del brazo, podremos conocer cual de los músculos se activa con mayor intensidad y la forma en que éstos se coordinan para realizar la tarea eficazmente (figura 3).

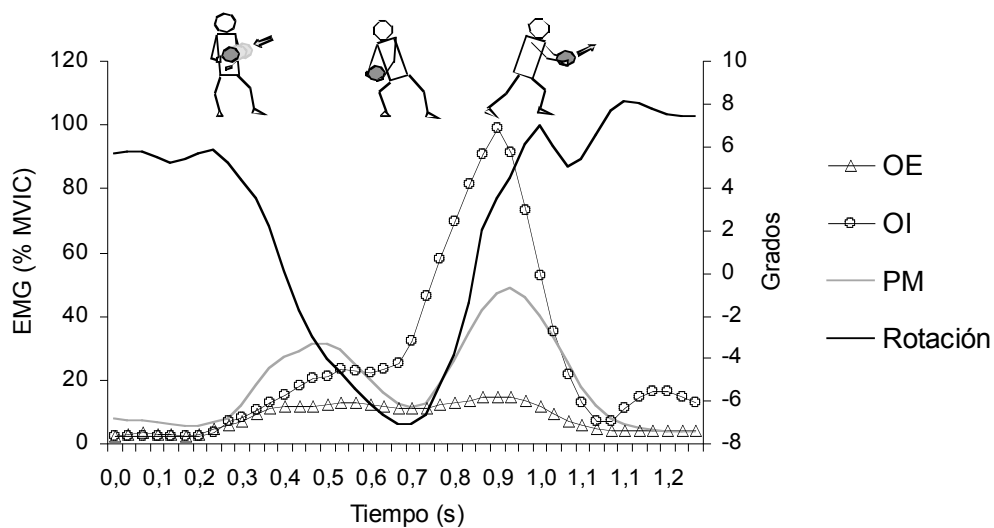


**Figura 1.** Registro electromiográfico y cinemático de un deportista lanzando un balón medicinal. Las imágenes representan el instante previo al inicio del lanzamiento. *Vista frontal:* se pueden observar electrodos de superficie colocados sobre músculos del abdomen y de la espalda, así como el transmisor (T) y un receptor (R) del aparato utilizado para registrar el movimiento del raquis lumbar (Isotrak, Polhemus Inc.). *Vista lateral:* se pueden observar electrodos colocados sobre músculos del pecho y del hombro.





**Figura 2.** Distintas fases del tratamiento de la señal EMG registrada en el músculo pectoralis major durante la recepción y el lanzamiento de un balón medicinal.



**Figura 3.** Señal EMG normalizada (% MVIC) de los músculos obliquus externus abdominis izquierdo (OE), obliquus internus abdominis izquierdo (OI) y pectoralis major derecho (PM) durante la recepción y el lanzamiento de un balón medicinal. La gráfica presenta también el movimiento de rotación del raquis lumbar (grados) durante la tarea.

## II.2 Goniometría electrónica.

Los electrogoniómetros son sistemas que disponen de sensores que se colocan sobre las articulaciones y que informan en tiempo real del movimiento articular. A partir de los datos sobre el desplazamiento angular (grados o radianes) y el tiempo, se pueden calcular velocidades y aceleraciones angulares, como por ejemplo, la velocidad de rotación o de flexión del hombro durante un lanzamiento.

En muchos electrogoniómetros el elemento sensible al desplazamiento articular es un potenciómetro o resistor (mecanismo electrónico que modifica la resistencia de la corriente eléctrica) (Robertson y Caldwell, 2004). Una parte del potenciómetro se coloca sobre un segmento de la articulación y la otra sobre el segmento contiguo. De este modo, cualquier movimiento angular deforma el potenciómetro y éste altera la intensidad de la corriente eléctrica.

También existen sistemas como el Isotrak y el Fastrak (Polhemus Inc., Colchester, VT, USA) que se basan en la creación de campos electromagnéticos. Estos dispositivos disponen de un transmisor electromagnético, que se coloca en un lugar de referencia, y uno o varios receptores que se colocan sobre los segmentos a movilizar. Permiten el registro y análisis del movimiento angular en tres dimensiones. Volviendo al ejemplo de la recepción y el lanzamiento del balón medicinal, si antes del registro de la EMG, colocamos el transmisor (T) del Isotrak sobre el sacro y un receptor (R) sobre la apófisis espinosa T12 (figura 1), podemos registrar y analizar el desplazamiento angular del raquis lumbar (flexo-extensión,

flexión lateral y rotación) durante la tarea (Vera-García y col., 2006). Esto nos permitiría relacionar el movimiento de la columna vertebral con la activación de los músculos del tronco (figura 3).

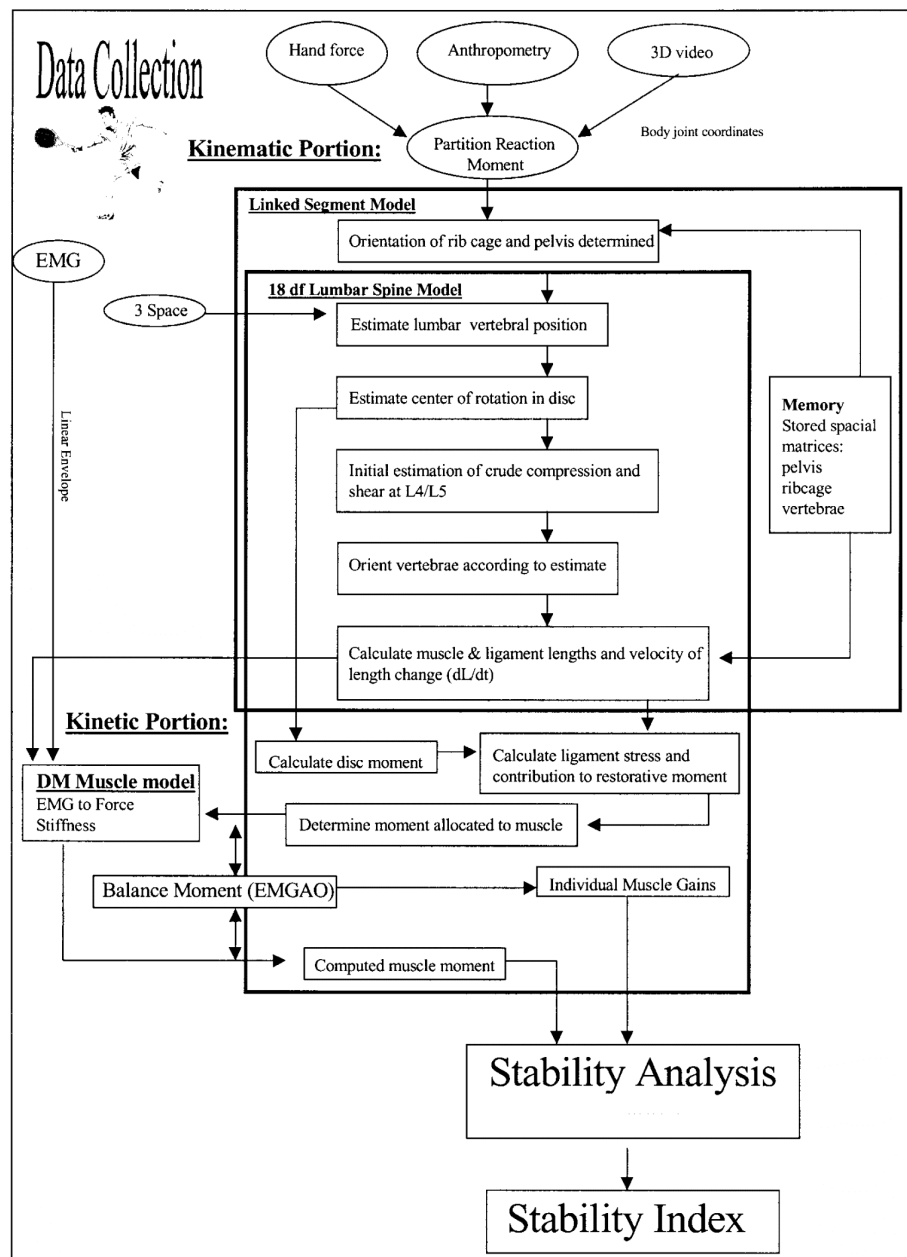
### **II.3 Modelos matemáticos computerizados.**

El modelamiento matemático es una de las herramientas que más se utilizan hoy en día para el estudio e investigación en Biomecánica. Un modelo es una descripción desde el punto de vista de las matemáticas de un hecho o fenómeno del mundo real, desde la contracción muscular hasta el movimiento y la estabilidad articular. El objetivo del modelo matemático es entender el fenómeno en profundidad y, posiblemente, predecir su comportamiento en el futuro (Campollo, 1994; Whittlesey y Hamill, 2004).

Básicamente, el proceso para elaborar un modelo comienza con la definición del problema. Posteriormente, se identifican los parámetros y variables de interés y se elabora un concepto inicial donde se describen gráficamente las variables. Finalmente, se formulan las ecuaciones matemáticas que describen el modelo. El modelo se valida cuando los resultados matemáticos concuerdan con los datos que se tienen de la realidad. Si los datos son diferentes, se reinicia el proceso.

Como ejemplo de los modelos que se utilizan actualmente en Biomecánica, podemos destacar 3 modelos matemáticos interdependientes (figura 4) desarrollados por Cholewicki y McGill (1996). Éstos utilizan señales EMG de 14 músculos del tronco, datos antropométricos, las coordenadas de posición de numerosas partes del cuerpo y la cinemática lumbar (Isotrak), para determinar, entre otras variables, las fuerzas de compresión en L4-L5, la fuerza generada por 118 fascículos musculares y la estabilidad del raquis lumbar durante la realización de diferentes ejercicios de fortalecimiento muscular o diversas maniobras de estabilización raquídea (Kavic y col., 2004; Vera-García y col., en prensa).

Como se puede apreciar, el modelamiento matemático es una herramienta enormemente poderosa, pero a su vez, muy limitada y de manejo complejo (Whittlesey y Hamill, 2004). Como cualquier técnica o método utilizado en Biomecánica, lo más importante es utilizarlo correctamente.



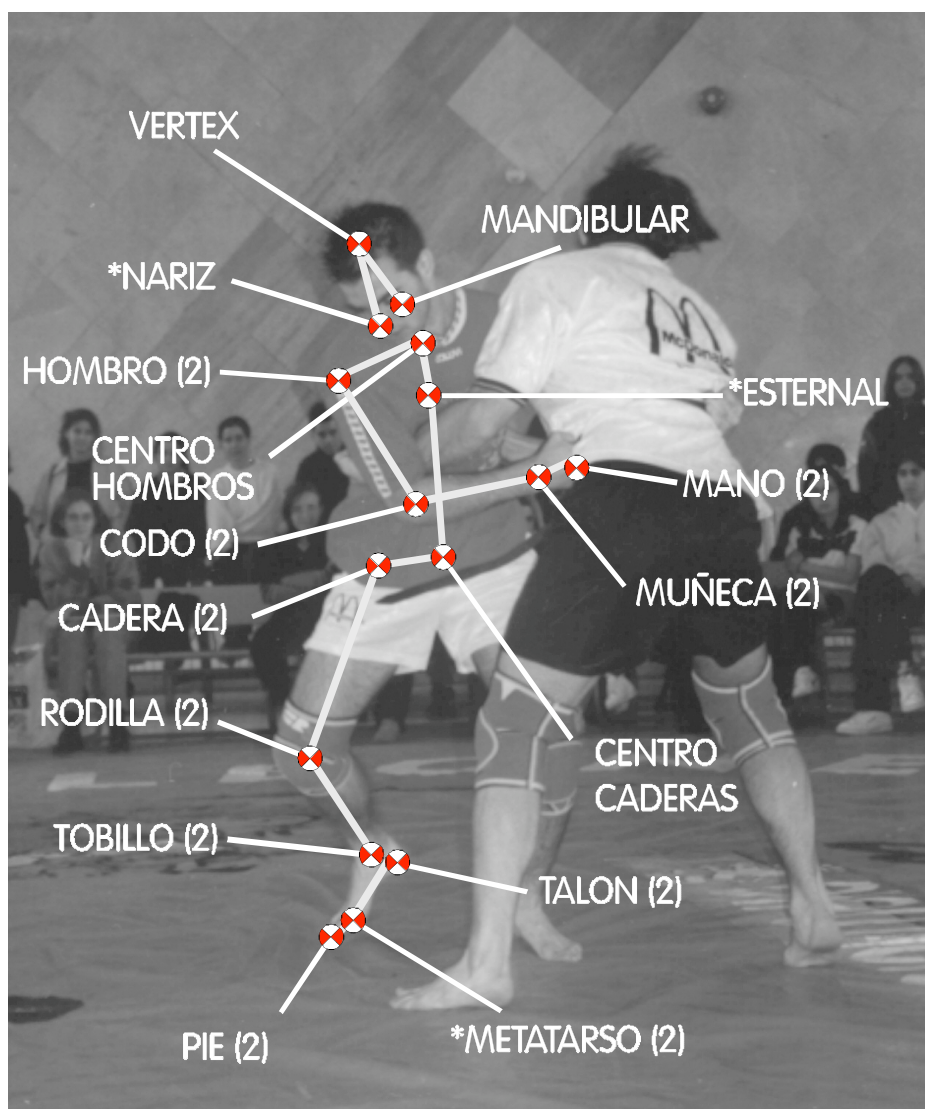
**Figura 4.** Esquema de 3 modelos matemáticos interdependientes (“Linked Segment Model”, “18 df Lumbar Spine Model” y “DM Muscle Model”) desarrollados por Cholewicki y McGill (1996) y utilizados para el estudio de la estabilidad del raquis lumbar y de las fuerzas de compresión raquídea en diferentes ejercicios y posturas.

#### II.4 La fotogrametría.

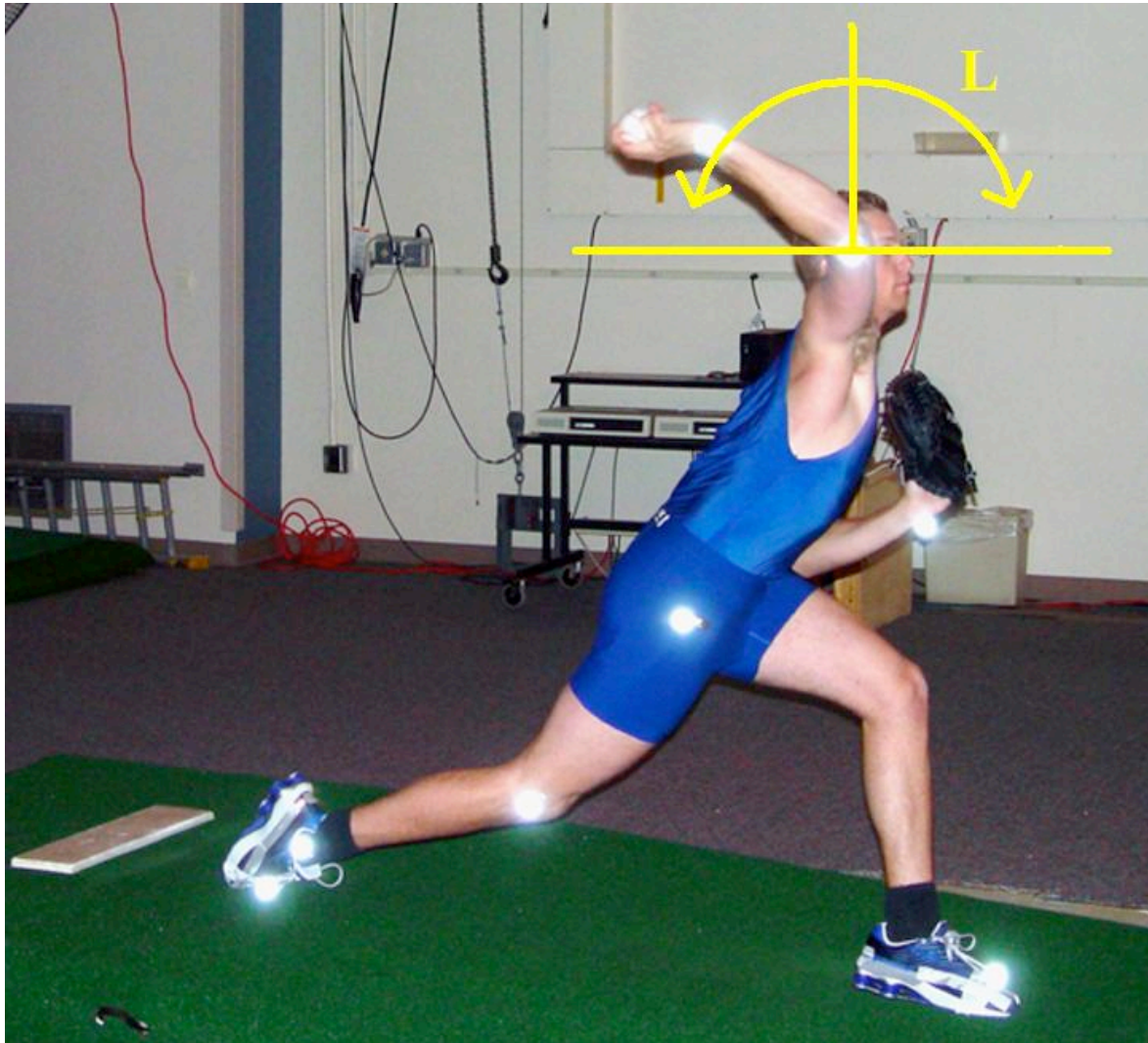
La fotogrametría es una técnica que emplea el vídeo para obtener variables cinemáticas del movimiento de los deportistas. Por variables cinemáticas entendemos distancias de desplazamiento, ángulos articulares, velocidades y aceleraciones. En primer lugar, se define un modelo mecánico simplificado del cuerpo humano o de la parte del cuerpo que se desea estudiar. El modelo se compone de puntos y segmentos; los puntos representan articulaciones o partes finales de las extremidades, como el codo o la punta del dedo corazón, mientras que los segmentos son líneas que unen dos puntos, como el antebrazo, que queda formado entre el codo y la muñeca. En la figura 5 se presenta un ejemplo de modelo mecánico para un estudio biomecánico de la lucha (López y col., 2001). Con la fotogrametría se pueden realizar estudios en dos dimensiones (2D), para lo que se necesita un mínimo de una cámara, o en tres dimensiones (3D) con un mínimo de dos cámaras colocadas formando un ángulo cercano a los 90° (Barton y Barton, 1992; Challis y Kerwin, 1992).

Esta metodología, al contrario que otras que se utilizan en Biomecánica, es ideal para ser utilizada en situación real de competición, ya que no requiere colocar al deportista ningún artilugio ni cable que estorbe su movimiento. En estos casos, es responsabilidad del investigador realizar el marcaje de los puntos del modelo en la imagen grabada del deportista, proceso que se conoce como digitalización. En situaciones especiales de laboratorio, es posible colocar sobre la piel del deportista pequeñas bolitas reflectantes (figura 6) que facilitan la digitalización, hasta el punto de que puede hacerlo un ordenador de forma automática. Actualmente incluso se están desarrollando sistemas informáticos que son capaces de reconocer las formas humanas en movimiento y digitalizar sin necesidad de ningún marcador de referencia. Esto supondría un gran avance para la investigación en Biomecánica, ya que reduciría enormemente el tiempo de proceso de datos hasta la obtención de los resultados.

La fotogrametría tiene múltiples aplicaciones. Entre ellas está la de analizar pormenorizadamente la técnica de los deportistas de alto nivel, en busca de pequeños detalles que se escapan al ojo humano y que pueden ayudar al deportista a mejorar aún un poco más su rendimiento. Por ejemplo, hace unos años se realizó un estudio dirigido por el profesor Xavier Aguado en el que se hizo un seguimiento al lanzador de peso y recordman español Manuel Martínez (Grande y col. 1999a y b; Grande, 2000). Este estudio se realizó con la colaboración de su entrenador, y sirvió para detectar y corregir algunos problemas técnicos del deportista que ayudaron a mejorar sus marcas. Por otra parte, la fotogrametría también tiene aplicaciones en el ámbito de la salud. Se ha utilizado, por ejemplo, para determinar las particularidades de la marcha en sujetos con patologías como la parálisis cerebral (Chang y col., 2006) o también para determinar la eficacia de distintos tipos de prótesis y ortesis sobre el movimiento (Razeghy y Batt, 2000; MacLean y col., 2006).



**Figura 5.** Modelo mecánico de 52 puntos (26 puntos por luchador) empleado para el análisis biomecánico de los deportes de lucha. En el dibujo se muestran los puntos y segmentos del hemicuerpo derecho de uno de los luchadores (en López y col., 2001).

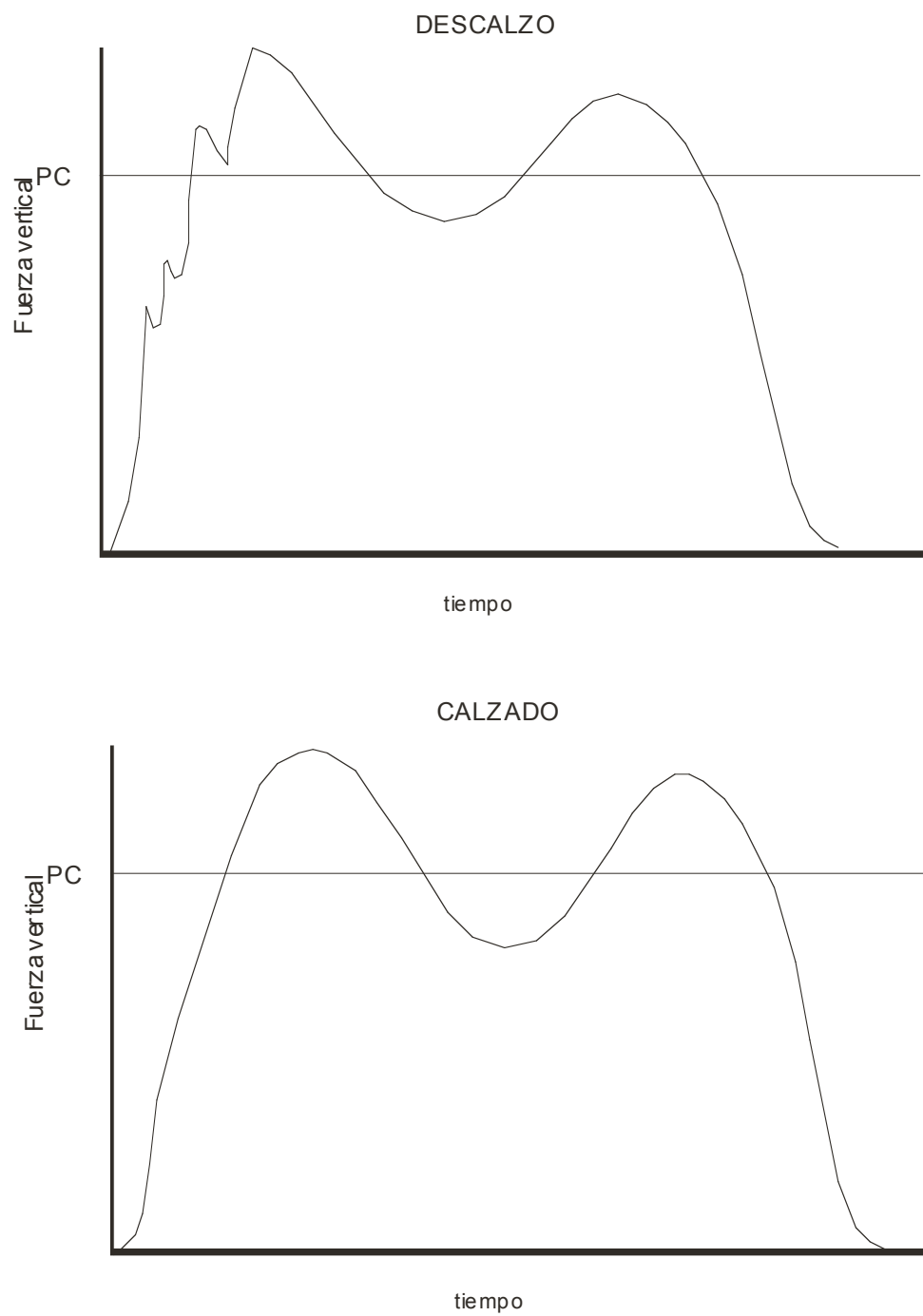


**Figura 6.** Grabación de un lanzamiento en béisbol con marcadores externos para la digitalización automática por ordenador.

## **II.5 Dinamometría con plataforma de fuerzas.**

Las plataformas de fuerzas son instrumentos que se encastran en el pavimento y que sirven para medir las fuerzas que ejerce sobre el suelo la persona al pisarlas. Una ventaja interesante de esta metodología es que no requiere de largos y tediosos procesos de tratamiento de datos, con lo que permite obtener resultados casi inmediatos. Se han utilizado plataformas de fuerzas para conocer el impacto que supone el apoyo del pie en el suelo en distintas técnicas deportivas. En la carrera de fondo, se ha determinado que se producen fuerzas de 2 veces el peso corporal (PC), en la carrera de velocidad 3 PC, en la batida de un triple salto 5 PC (Ramey y Williams, 1985), en la caída de un rebote en baloncesto 7.1 PC (Valiant y Cavanagh, 1985) y hasta 14 PC en la caída de un doble salto mortal en gimnasia (Panzer y col., 1988). El tema del apoyo de los pies en el suelo durante la carrera es uno de los más estudiados con plataformas de fuerzas. Cada vez que el pie apoya en el suelo supone un trauma para las articulaciones, y esto repetido miles de veces supone un riesgo de lesión considerable. La plataforma de fuerzas permite medir la magnitud de ese impacto y determinar la eficacia técnica del deportista en la amortiguación, o también, la eficacia de distintos sistemas de amortiguación de las zapatillas deportivas. En la figura 7 se observa la diferencia entre la gráfica de fuerzas verticales durante un apoyo caminando, de un sujeto descalzo y calzado. Se aprecia en la parte inicial de la gráfica, que corresponde al impacto del talón con el suelo, cómo al ir descalzo se producen múltiples picos de fuerza que se transmiten a las articulaciones. Con un calzado adecuado, esas vibraciones se reducen, ya que son absorbidas por el material de la zapatilla. Las principales marcas de zapatillas deportivas invierten grandes sumas de dinero en investigación y desarrollo de nuevos sistemas de amortiguación, y uno de los principales instrumentos utilizados son las plataformas de fuerzas.





**Figura 7.** Fuerzas verticales en un apoyo de la marcha descalzo (A) y calzado (B). Los registros de fuerzas permiten determinar la magnitud del impacto que supone el apoyo del talón en el suelo. PC- peso corporal.

### **III. Nuevas tecnologías biomédicas aplicadas a la actividad física y el deporte: microchips de ADN<sup>1</sup>.**

En los últimos años, el gran desarrollo de nuevas tecnologías biomédicas, particularmente las que permiten estudiar el organismo humano a nivel molecular, nos está proveyendo de un acervo de información ni siquiera imaginable hace tan sólo un par de lustros. El mejor ejemplo del gran avance experimentado por estas técnicas tal vez lo constituyen los denominados “microchips de ADN” (“DNA microarrays”, en su versión original inglesa), que desde su primera descripción en 1995 al momento actual, han pasado de ser costosas herramientas dedicadas exclusivamente a la investigación básica, a ser métodos sencillos, ya incorporadas al quehacer clínico (Gershon, 2005; Riese y Báez, 2006).

#### **III.1 Genoma y microchips de ADN.**

Los cromosomas, cuarenta y seis moléculas de ADN contenidas en el núcleo de cada una de nuestras células, contienen en la secuencia de sus bases nitrogenadas el código para sintetizar las diferentes proteínas que participan en múltiples funciones del organismo humano. La secuencia de bases del ADN que contiene el código para una proteína determinada es lo que denominamos un gen. En cada cromosoma, por tanto, existen diferentes genes. Por extensión, el conjunto de todos los genes localizados en los 23 pares de cromosomas humanos es lo que denominamos genoma.

El año 2001 marcó un hito para la biomedicina contemporánea, al publicarse la secuenciación completa del genoma humano, es decir, la secuencia de pares de bases de los cerca de los 30000-35000 genes que se estima que existen en los cromosomas humanos (International Human Genome Sequencing Consortium, 2001). En otras palabras, los códigos para sintetizar todas las proteínas humanas. Esta información, junto con el gran desarrollo actual de la nanotecnología, la robótica, la bioinformática y la bioestadística, han sido cruciales para poder desarrollar los microchips de ADN.

Los microchips de ADN son unos pequeños cristales, similares a los portaobjetos de un microscopio, que han sido tratados previamente para disponer en una pequeña superficie de los mismos (alrededor de 1 cm<sup>2</sup>), una matriz que contiene un número variable (de centenares a decenas de miles) de localizaciones concretas (denominadas “spots”), en cada una de las cuales se deposita una solución que contiene un fragmento de ADN, correspondiente a un gen concreto. En otras palabras, consisten en una matriz de genes previamente identificados y depositados en localizaciones conocidas del microchip. En su fabricación industrial resulta crítica la precisión nanométrica de los robots que depositan en cada una de las posiciones una microgota que contiene el gen exacto que corresponde a esa posición, y que no difunde

---

197197

<sup>1</sup> ADN: ácido desoxirribonucleico.

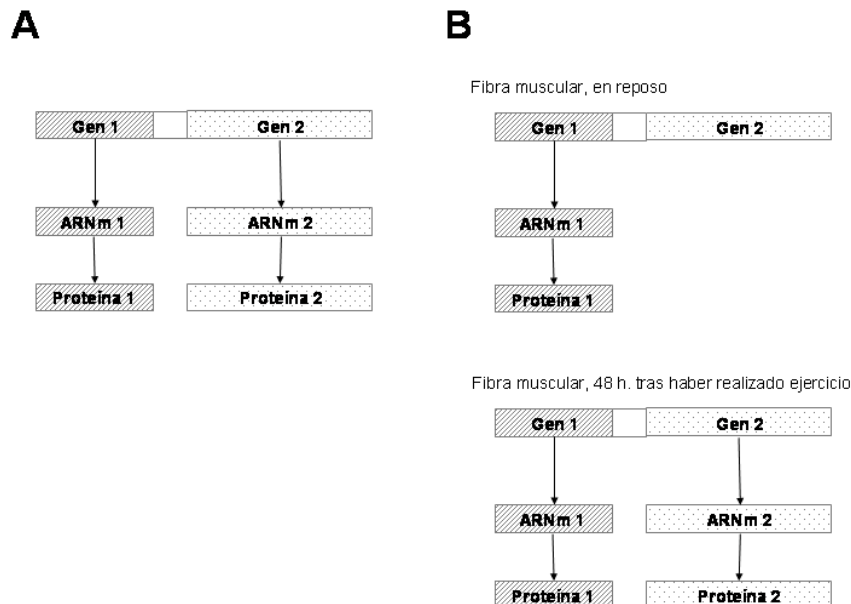
más allá de la misma. Para el posterior análisis de los resultados de la lectura de un microchip es necesario, además, hacer incidir una luz láser sobre cada una de estas posiciones, lo que implica igualmente un alto grado de precisión tecnológica en los sistemas de lectura. Además, las posibles combinaciones de cambios simultáneos de la expresión de decenas de miles de genes, implica la realización de un complejo análisis informático y estadístico de las lecturas, sólo conseguible con grandes procesadores informáticos y programas estadísticos específicos. Por ello, el funcionamiento de los microchips de ADN representa un buen ejemplo de la necesaria coalescencia actual de múltiples desarrollos tecnológicos para la mejora de las técnicas biomédicas.

La gran aportación de los microchips de ADN respecto de las técnicas clásicas de genética y biología molecular, reside en que a diferencia de estas últimas, que sólo permiten el análisis de los cambios de la actividad de un gen o una proteína aislada, los microchips permiten analizar los cambios que ocurren simultáneamente en la actividad de decenas de miles de genes, e incluso, virtualmente, de todo el genoma de un individuo.

Para entender el funcionamiento de un microchip de ADN es necesario conocer algunos aspectos, que se resumen en la figura 8. El primero, es lo que se denomina el “dogma central de la biología molecular”, que consiste, en esencia, en que en el proceso de síntesis de una proteína, la información que hay en un gen se ha de copiar primero en una molécula transmisora, el denominado ácido ribonucleico mensajero (ARNm). Esta molécula, que es una copia del gen localizado en el ADN, abandona el núcleo de la célula y llega al citoplasma, donde un pequeño orgánulo, el ribosoma, auténtico transductor del mensaje codificado en el ARNm, sintetiza la proteína correspondiente. Debido a que todas las células del organismo tienen el mismo genoma, lo que hace diferente a unas de otras es el conjunto de genes que cada una de ellas tiene activo en un momento determinado. En otras palabras, aquellos genes que están siendo copiados a ARNm, y, por lo tanto, están dando lugar a unas proteínas típicas de dicha célula, y no de otra. Del mismo modo, las células de un tejido determinado (por ejemplo, las fibras musculares) pueden tener activos un conjunto de genes en una situación dada, y otro diferente en otra situación (por ejemplo, en reposo y tras hacer un ejercicio de cierta intensidad). La comparación del conjunto de genes activos en una y otra situación permite conocer qué genes se activan específicamente en dicha situación.

El principio de funcionamiento de los microchips de ADN se basa por tanto en los dos hechos antedichos. Por un lado, en recoger las diferentes moléculas de ARNm que están siendo sintetizadas en un tejido determinado en una situación dada, e identificar, mediante una serie de reacciones químicas, a cuáles de los posibles genes de ADN presentes en el microchip corresponden. En otras palabras, utilizando los microchips de ADN se puede determinar qué genes son los que están activos en ese momento. Por otra

parte, como se ha comentado, la comparación de dichos genes en dos circunstancias determinadas permite conocer cuales se activan o se inhiben de manera específica en dicha circunstancia.



**Figura 8.** A: Dogma central de la biología molecular. En el ADN existen secuencias, denominadas genes, cada una de las cuales contiene el código para sintetizar, al menos, una proteína concreta. En el proceso de síntesis, existe un paso intermedio: la transcripción del ADN a ARNm. Por ello, los genes activos, de entre todos los que forman el genoma, son aquellos que están siendo transcritos a ARNm. B: Ilustración del principio de uso de los microchips de ADN. En una fibra muscular en reposo (panel superior) existen activos un número determinado de genes, que están siendo transcritos a ARNm. Las proteínas que codifican son necesarias para el funcionamiento de la fibra muscular esta situación. Sin embargo, unas horas después de someter a la fibra a un ejercicio determinado (panel inferior), en respuesta al mismo pueden activarse (o inhibirse) algunos genes determinados. La diferencia de genes activos entre las dos situaciones, permite identificar los genes que se activan (o inhiben) específicamente en una situación dada. En este ejemplo, el gen 2 sólo se activa unas horas tras el ejercicio, y no está activo en reposo. Con un microchip de ADN se puede escrutar el grado de activación de decenas de miles de genes simultáneamente, basándose en el estudio de los ARNm que están siendo sintetizados en una tejido determinado en respuesta a una situación dada.

### III.2 Microchips de ADN en la actividad física y el deporte.

La utilización de microchips de ADN en el ámbito de las ciencias de la actividad física y del deporte es relativamente reciente, por lo que las publicaciones científicas al respecto son escasas. Estos trabajos se han centrado en las respuestas al ejercicio de dos grandes tejidos: el tejido muscular y la sangre periférica. A pesar de ello, estos pocos trabajos ya permiten entrever una imagen ciertamente más

compleja del conjunto de cambios de funcionamiento a nivel molecular y celular, que pueden ocurrir en el organismo humano tras la realización de ejercicio físico, o cuando no se realiza éste. Este nuevo escenario molecular, dista mucho de los modelos simplistas que han existido hasta el momento presente, y supondrá posiblemente en el futuro un cambio en los paradigmas tanto conceptuales, como de aplicación práctica, existentes hasta el momento presente.

Por ejemplo, Mahoney y cols (2005) han podido comprobar cómo al someter a sujetos sedentarios a una única sesión de alta intensidad de pedaleo en bicicleta estática, a las tres horas de su finalización en sus fibras musculares se activaron 118 genes y se inhibieron 8, en comparación con el estado de estas mismas fibras previo al ejercicio. A las 48 horas de la finalización de la sesión, seguían activos 29 genes, e inhibidos 5. Las proteínas codificadas por los genes cuya actividad se modificó en este estudio, se pueden agrupar en varios grupos funcionales: a) proteínas que participan en los procesos metabólicos musculares, y/o en la biogénesis mitocondrial; b) proteínas que participan en el estrés oxidativo y otras vías de señalización celular; c) proteínas que participan en procesos de transporte electrolítico a través de la membrana celular; y d) un grupo misceláneo de proteínas, que incluye a algunas que participan en procesos de dolor, proteólisis, apoptosis, crecimiento celular, etc.

De la misma manera, al someter al músculo a la inactividad forzada también se producen cambios en la expresión genética. Así, Urso y cols (2006) han podido observar que tras inmovilizar la rodilla de varones jóvenes durante 48 h. se modificó el funcionamiento de 737 genes, de los cuales sólo 242 correspondían a genes con funciones conocidas en estos momentos. De entre estos últimos, 122 se activan, y 120 se inhiben. Entre los conocidos cuya actividad aumenta, destacan los que codifican proteínas que participan en el sistema denominado de la ubiquitina-proteasoma, un sistema enzimático encargado de destruir aquellas proteínas que no son necesarias o funcionales, a nivel celular. De entre los que se inhiben, destacan los genes que codifican el colágeno tipo III y tipo IV, dos tipos de colágeno sintetizados por la fibra muscular y que forman parte de lo que denominamos perimisio y epimisio, estructuras que dotan al músculo de propiedades elásticas. De ello cabe deducir que los cambios musculares que acompañan a la inmovilidad prolongada (básicamente, debilidad, atrofia y rigidez muscular), ya empiezan a darse a nivel molecular en las primeras horas de inactividad.

En cualquier caso, conseguir tejido muscular implica la realización de una biopsia muscular, técnica quirúrgica no siempre accesible, relativamente incómoda para el sujeto, no exenta de riesgos y prácticamente imposible de conseguir en atletas de alta competición. Por ello, se está intentado conocer si tras la realización de ejercicio se producen también cambios en la expresión genética de las células sanguíneas, mucho más fáciles de obtener mediante una venopunción convencional rutinaria.

En este sentido, Zieker y cols (2005, a y b) han realizado estudios pioneros en atletas que habían seguido un entrenamiento de al menos 2 años, y que corrieron una media maratón oficial, prueba en que emplearon unos 100 min. En esas circunstancias, en las células de su sangre periférica se pudo comprobar que cambia la expresión de 36 genes inmediatamente al terminar la prueba, en comparación con el momento previo a la misma, y que 21 de ellos siguen activos a las 24 horas de haber finalizado la prueba. Este número limitado de genes detectados en este estudio puede deberse que en lugar de utilizar un microchip comercial de alta densidad, que, como se ha comentado permite escrutar decenas de miles de genes, utilizaron microchips creados “ex profeso” que sólo contenían 1152 genes. En cualquier caso, los autores consideran que el patrón de activación de estos genes, relacionados fundamentalmente con procesos de estrés celular y de inflamación, es lo suficientemente característico como para considerarlo una especie de “huella dactilar”.

Esta misma idea, la de que existen grupos de genes que se activan específicamente tras el ejercicio y que pueden representar un marcador objetivo de dicha situación, ha sido defendida recientemente por Büttner y cols (2006) quienes, utilizando microchips de alta densidad comerciales, han medido los cambios en la actividad genética exclusivamente en los leucocitos de la sangre periférica, en sujetos jóvenes a los que se sometió a carreras en tapiz rodante, de intensidades controladas mediante la medición de su consumo máximo de oxígeno. En este trabajo han podido demostrar que tras el ejercicio en los leucocitos se activan cerca de 450 genes, y se inhiben cerca de 150, la mayoría clasificados dentro de los grupos funcionales de respuesta al estrés y a la inflamación. Otro aspecto importante de este trabajo parece ser el hecho de que ha sido posible determinar un conjunto mínimo de genes leucocitarios (39 de los cuales se activan, y 7 de los cuales se inhiben), que parece sensible a los cambios en la intensidad del ejercicio. Este conjunto de genes (que los autores denominan “exercise marker gene list”) podría ser utilizado en el futuro como un marcador objetivo de la intensidad que un ejercicio de terminado supone para un individuo dado.

El estudio de Büttner y cols, supone una confirmación, igualmente, del trabajo pionero de Conolly, y cols (2004), en el que sometieron a 15 varones jóvenes a una sesión de 30 min. de pedaleo de intensidad controlada, y midieron el cambio de la actividad del genoma de los leucocitos sanguíneos usando microchips de ADN comerciales de alta densidad. En este trabajo, pudieron demostrar que inmediatamente al terminar la sesión de 30 min de ejercicio, se habían activado 311 genes en los leucocitos sanguíneos, y que a los 60 min. de recuperación tras el ejercicio, este número ascendía hasta 552, en comparación con el momento de la finalización del ejercicio.

El uso de microchips de ADN está permitiendo también contribuir al esclarecimiento de las bases moleculares de la etiopatogenia de algunas enfermedades, como el síndrome de fatiga crónica (Whistler y

cols, 2005). La comparación del grado de activación genómica en sangre periférica de mujeres normales, con la de mujeres diagnosticadas clínicamente del síndrome de fatiga crónica, ha mostrado que existe una combinación de 21 genes que se activan en las mujeres normales en respuesta al ejercicio, pero que no lo hacen en las mujeres con el síndrome de fatiga crónica. Estos genes se consideran, fundamentalmente, dentro de los grupos funcionales de las proteínas G (un importante sistema de señalización intracelular), de diferentes mecanismos de transporte iónico a través de la membrana celular, y, especialmente, de varios canales iónicos de membrana. Además de la obvia utilidad para comprender mejor el posible origen de una de las nuevas enfermedades de nuestro tiempo, estos hallazgos pueden contribuir a la mejor comprensión de las bases moleculares que puedan explicar, y en el futuro, ayudar a modular, uno de los principales mecanismos limitantes del alto rendimiento deportivo: la aparición de fatiga.

Por todo ello, desde hace algún tiempo se viene sugiriendo que los microchips de ADN podrían convertirse en las herramientas diagnósticas de la futura fisiología del ejercicio (Ferenbach y cols 2003).

### **III.3 Limitaciones y perspectivas de futuro.**

Aunque los estudios de genómica funcional en general, y los aplicados al deporte, en particular, están en estado embrionario en estos momentos, no hay duda de que suponen una fuente muy importante de nuevo conocimiento científico, sobre el que asentarán futuras hipótesis y aplicaciones prácticas. Sin embargo, lejos de poder parecer una panacea científica, es previsible que en el futuro estas técnicas queden limitadas en su uso por dos fenómenos biológicos que en estos momentos están empezando a cobrar mucha relevancia, y que pueden complicar, más si cabe, la total comprensión de los procesos de adaptación individual al ejercicio.

En primer lugar, la estructura íntima de un gen puede tener pequeñas variaciones individuales, denominadas polimorfismos. Aunque el significado biológico real de estos polimorfismos no está del todo aclarado, hay datos indirectos de que, al menos en el deporte de élite, pueden estar en relación con la mejor adaptación de un sujeto a ciertas disciplinas deportivas. Por ejemplo, el gen de la enzima convertidora de angiotensina, puede tener dos polimorfismos diferentes: el denominado DD, que parece beneficiar el rendimiento en disciplinas de velocidad o potencia, y el denominado II, que parece favorecer el rendimiento en actividades de resistencia (MacArthur y North, 2005). Los polimorfismos en diferentes genes suelen estar asociados entre sí, es decir, cuando hay una de las posibles variantes en un gen, suelen existir otra de entre las posibles variantes que se pueden dar, en otros genes. A estas asociaciones de posibles variantes genéticas se las denomina haplotipos. El primer intento de construir un mapa de los haplotipos que se pueden encontrar en el genoma humano, ha comenzado recientemente a dar sus frutos

de la mano de un consorcio internacional de laboratorios (Goldstein y Cavalleri, 2005). Esta herramienta se supone tan útil en el futuro, como lo es hoy el mapa del genoma humano.

Por otro lado, aunque el dogma central de la biología molecular dice que cada gen codifica una proteína, hoy se sabe que el procesamiento diferencial de un mismo gen en dos tejidos diferentes del organismo, puede dar lugar a dos, e incluso más, productos proteicos o peptídicos, con funciones biológicas absolutamente diferentes. Por ejemplo, el procesamiento del gen de la calcitonina en las células C de la glándula tiroides, produce la hormona denominada calcitonina, necesaria para fijar el calcio a la matriz ósea. Sin embargo, el procesamiento de este mismo gen en las neuronas sensoriales primarias de tipo nociceptivo, e incluso en algunas motoneuronas, produce un pequeño péptido de 32 aminoácidos, denominado calcitonin gene-related peptide (Amara y cols, 1982), implicado en fenómenos de vasodilatación y en la modulación de la neurotransmisión, tanto en la vía nociceptiva, como en la placa motora. Por ello, en estos momentos resulta difícil hacer una estimación real del número de moléculas biológicamente activas que se encuentran codificadas en nuestros genes. Al conjunto de todas estas proteínas y péptidos se le denomina, por analogía con el genoma, proteoma. Aunque son ciertamente embrionarias, en estos momentos se avanza en el desarrollo de técnicas de proteómica (Riese y Báez, 2006), que se presume que permitirán estudiar los cambios simultáneos en el conjunto real de proteínas de un individuo dado, en respuesta a una situación determinada.

A estas limitantes, de naturaleza exclusivamente técnica, se habrán de sumar las de carácter ético que, necesariamente, habrá que ir desarrollando a la par, y que definirán el marco jurídico y social por el que se regulará el uso futuro de todas estas tecnologías.

#### **IV. Conclusiones.**

Hemos podido comprobar, a lo largo de todo el artículo, el gran peso específico que está cobrando el desarrollo y la utilización de nuevas tecnologías en el ámbito del deporte y la salud. Hoy en día se hace muy complejo entender el progreso en las Ciencias de la Actividad Física y el Deporte, si no es paralelamente al manejo y familiarización de todas ellas. Nos encontramos en una época en la cual, los más modernos métodos de estudio se irán popularizando progresivamente.

Se establecerá una relación estrecha entre las investigaciones y hallazgos en los deportistas de más alto nivel y su aplicación en la población general para mejorar los niveles de salud. Quedan algunos flecos importantes por resolver, como por ejemplo algunos de los aspectos legales que rodean la investigación



con algunas de estas tecnologías (“microchips de ADN”), que irán solucionándose paralelamente al desarrollo de las mismas.

## **V. Referencias bibliográficas.**

AMARA, S.G., JONAS, V., ROSENFELD, M.G., ONG, E.S., EVANS, R.M., “Alternative RNA processing in calcitonin gene expression generates mRNAs encoding different polypeptide products”, en *Nature* 1982;298: pp.240-244.

BARTON, J. y BARTON, G., “3D video digitizing and motion analysis”, en 10<sup>th</sup> Symposium of the International Society of Biomechanics in Sports (ISBS’92) Proceedings. 1992, pp. 112-115.

BÜTTNER, P., MOSIG, S., LECHTERMANN, A., FUNKE, H., MOOREN, FC., “Exercise affects the gene expression profiles of human white blood cells”, en *J Appl Physiol* 2006 (en prensa; version electrónica en web doi:10.1152/jappphysiol.00066.2006).

CAMPOLLO, R.O., “Modelos matemáticos en medicina y biología. Bases teóricas y fundamentos” en *Revista de Investigación Clínica*, 1994, 46, pp. 307-321.

CHALLIS, J.H. y KERWIN, D.G., “Accuracy assessment and control point configuration when using the DLT for photogrammetry”, en *Journal of Biomechanics*, 1992, 25(9), pp.1053-1058.

CHANG, F.M., SEIDL, A.J., MUTHUSAMY, K., MEININGER, A.K., CAROLLO, J.J., “Effectiveness of instrumented gait analysis in children with cerebral palsy - Comparison of outcomes”, en *Journal of Pediatric Orthopaedics*, 2006, 26(5), pp.612-616.

CHOLEWICKI, J. y MCGILL, S.M., “Mechanical stability of the in vivo lumbar spine: implications for injury and chronic low back pain”, en *Clinical Biomechanics*, 1996, 11, pp. 1-15.

CONNOLLY, P.H., CAIOZZO, V.J., ZALDIVAR, F., NEMET, D., LARSON, J., HUNG, S., HECK, J.D., HATFIELD, W., COOPER, D.M., “Effects of exercise on gene expression in human peripheral blood mononuclear cells”, en J Appl Physiol 2004;97: pp. 1461-1469.

De LUCA, C.J., “The use of surface electromyography in biomechanics” en Journal of Applied Biomechanics, 1997, 13, pp.135-163.

FERENBACH, E., ZIEKER, D., NIESS, A.M., MOELLER, E., RUSSWURM, S., NORTHOFF, H., “Microarray technology-the future analyses tool in exercise physiology”, en Exerc Immunol Rev 2003;9: pp.58-69.

GERSHON, D., “More than than gene expression”, en Nature 2005;437: pp. 1195-1198.

GOLDSTEIN, D.B., CAVALLERI, G.L., “Genomics: understanding human diversity”, en Nature 2005;437: pp.1241-1242.

GRANDE, I. Cinemática del modelo técnico individual del lanzamiento de peso. Tesis doctoral. León: Universidad de León, 2000.

GRANDE, I., BURÓN, C. LÓPEZ, J.L., MEANA, M. TOMÉ, I. y AGUADO, X., “Estudio biomecánico del lanzamiento de peso en competición. Su aplicación a la construcción de ejercicios específicos de entrenamiento”, en Revista de Investigación en Ciencias del Deporte. 1999, 22, pp. 37-64.

GRANDE, I., LÓPEZ, J.L., MEANA, M. y AGUADO, X., “Aplicación al entrenamiento especial de la fuerza del estudio cinemático del lanzamiento de peso”, en Archivos de Medicina del Deporte. 1999, XVI, 70, pp. 133-141.

INTERNATIONAL HUMAN GENOME SEQUENCING CONSORTIUM, “Initial sequencing and analysis of the human genome”, en Nature 2001;409: pp. 860-921.

KAMEN, G. Electromyographic Kinesiology. En Research methods in Biomechanics. D.G.E. ROBERTSON, G.E. CALDWELL, J. HAMILL, G. KAMEN y S.N. WHITTLESEY (eds.). Champaign, IL: Human Kinetics. 2004, pp. 163-181.

KAVCIC, N., GRENIER, S. y MCGILL, S.M., “Quantifying tissue loads and spine stability while performing commonly prescribed low back stabilization exercises” en Spine, 2004, 29, pp. 2319-2329.

LÓPEZ, J.L., MEANA, M. y AGUADO, X., “Aplicación de la fotogrametría en vídeo 3D al análisis del equilibrio en los deportes de lucha”, en Biomecánica y deporte. Colección aula técnica deportiva. J. CAMPOS (coord.). Valencia: Ayuntamiento de Valencia. 2001, pp. 105-121.

MACARTHUR, D.G., NORTH, K.H., “Genes and human elite athletic performance”, en Hum Genet 2005;116: pp.331-339.

MACLEAN, C., DAVIS, I.M., HAMILL, J., “Influence of a custom foot orthotic intervention on lower extremity dynamics in healthy runners”, en Clinical Biomechanics, 2006, 21(6), pp.623-630.

MAHONEY, D.J., PAREISE, G., MELOV, S., SAFDAR, A., TARNOPLISKY, M.A. “Analysis of global mRNA expression in human skeletal muscle during recovery from endurance exercise”, en FASEB Journal 2005;19:pp.1498-1500.

MERLETTI, R. y PARKER P. Electromyography: physiology, engineering, and non-invasive applications. IEEE Press and John Wiley Publishers. 2006.

PANZER, V.P., WOOD, G.A., BATES, B.T., MASON, B.R., “Lower extremity loads in landings of elite gymnasts”, en Biomechanics XI-B G. de GROOT, A. HOLLANDER, P. HUIJING y G. Van IINGEN SCHENAY (eds.). Amsterdam: Free University Press. 1988, pp. 694-700.

RAMEY, M.R., WILLIAMS, K.C., “Ground reaction forces in the triple jump”, en International Journal of Sport Biomechanics. 1985, 1, pp.233-239.

RAZEGHY, M., BATT, M.E., “Biomechanical analysis of the effect of orthotic shoe inserts - A review of the literature”, en Sports Medicine, 2000, 29(6), pp. 425-438.

RIESE, H.H., BÁEZ, J.M., “Farmacogenómica en neurooncología”, en *Rev Neurol* 2006;43(6): pp.353-356.

ROBERTSON, D.G.E., CALDWELL, G.E., Planar kinematics. En *Research methods in Biomechanics*. D.G.E. ROBERTSON, G.E. CALDWELL, J. HAMILL, G. KAMEN y S.N. WHITTLESEY (eds.). Champaign, IL: Human Kinetics. 2004, pp. 9-34.

URSO, M.L., SCRIMGEOUR, A.G., CHEN Y., THOMPSON, P.D., CLARKSON, P.M., “Analysis of human skeletal muscle after 48 h immobilization reveals alterations in mRNA and protein for extracellular matrix components”, en *J Appl Physiol* 2006;101:pp.1136-1148.

VALIANT, G.A., CAVANAGH, P.R., “A study of landing from a jump: implications for the design of a basketball shoe”, en: D.A. Winter, R.W. Norman, R.P. Wells y K.C. Hayes (Eds.), *Biomechanics IX-B*. Champaign, Illinois: Human Kinetics. 1985, pp. 117-122.

VERA-GARCIA, F.J., BROWN, S.H.M., GRAY, J.R., MCGILL, S.M., “Effects of different levels of torso coactivation on trunk muscular and kinematic responses to posteriorly applied sudden loads”, en *Clinical Biomechanics*, 2006, 21, pp. 443-455.

VERA-GARCIA, F.J., ELVIRA, J.L.L., BROWN, S.H.M., MCGILL, S.M., “Effects of abdominal stabilization maneuvers on the control of spine motion and stability against sudden trunk perturbations”, en *Journal of Electromyography and Kinesiology* (en prensa).

WHISTLER, T., JONES, J., UNGER, E., VERNON, S.D., “Exercise responsive genes measured in peripheral blood of women with chronic fatigue syndrome and matched control subjects”, en *BMC Physiology* 2005;5: pág.5 (doi:10.1186/1472-6793/5/5).

WHITTLESEY, S.N., HAMILL, J., “Computer simulation of human movement”, en *Research methods in Biomechanics*. D.G.E. ROBERTSON, G.E. CALDWELL, J. HAMILL, G. KAMEN y S.N. WHITTLESEY (eds.). Champaign, IL: Human Kinetics. 2004, pág. 211-225.

ZIEKER, D, ZIEKER, J, DIETZSCH, J, BURNET, M, NORTHOFF, H., FEHRENBACH, E., “cDNA-microarray analysis as a research tool for expression profiling in human peripheral blood following exercise”, en *Exerc Immunol Rev* 2005;11:pp. 86-96 (a).

ZIEKER, D., FEHRENBACH, E., DIETZSCH, J., FLIEGNER, J., WAIDMANN, M., NIESELT, K., GEBICKE-HAERTER, P., SPANAGEL, R., SIMON, P., NIESS, AM., NORTHOFF, H., “cDNA microarray analysis reveals novel candidate genes expressed in human peripheral blood following exhaustive exercise”, en *Physiol Genomics* 2005;23:pp. 287-294 (b).

**MANUEL MOYA RAMÓN** es Profesor de la Universidad Miguel Hernández de Elche en el Área de Educación Física del Departamento de Arte, Humanidades y Ciencias Sociales y Jurídicas. Doctor en Psicología. Director del Máster universitario en Formación en Alto Rendimiento Deportivo de la UMH.

**DR. FRANCISCO JOSÉ VERA-GARCÍA** es Profesor de la Universidad Miguel Hernández de Elche en el Área de Educación Física del Departamento de Arte, Humanidades y Ciencias Sociales y Jurídicas. Doctor en Ciencias de la Actividad Física y del Deporte. Líneas de investigación: Biomecánica del raquis, Acondicionamiento de la musculatura del tronco y Prevención de lesiones raquídeas.

**DR. JOSE LUIS LÓPEZ ELVIRA** es Profesor de la Universidad Miguel Hernández de Elche en el Área de Educación Física del Departamento de Arte, Humanidades y Ciencias Sociales y Jurídicas. Doctor en Ciencias de la Actividad Física y del Deporte. Especialista en Biomecánica del Deporte.

**ADOLFO ARACIL MARCO** es Profesor de la Universidad Miguel Hernández de Elche en el Área de Educación Física y Deportiva, Departamento de Arte, Humanidades y Ciencias Sociales y Jurídicas. Licenciado en Medicina y Cirugía, DEA en Neurociencias. Unidad de Neurobiología Celular y de Sistemas, Instituto de Neurociencias de Alicante (Centro Mixto UMH-CSIC).

**RAÚL REINA VAILLO** es Profesor de la Universidad Miguel Hernández de Elche en el Área de Educación Física del Departamento de Arte, Humanidades y Ciencias Sociales y Jurídicas. Doctor en Ciencias de la Actividad Física y del Deporte. Master Europeo en Actividad Física Adaptada.

**OSCAR GUTIÉRREZ AGUILAR** es Profesor de la Universidad Miguel Hernández de Elche en el Área de Educación Física del Departamento de Arte, Humanidades y Ciencias Sociales y Jurídicas.

Licenciado en Educación Física y Deportes. Tercer entrenador de la Selección nacional absoluta de balonmano.

**JESÚS PAREDES ORTIZ** es Profesor de la Universidad Miguel Hernández de Elche en el Área de Educación Física del Departamento de Arte, Humanidades y Ciencias Sociales y Jurídicas. Doctor en filosofía y letras. Especialista en Teoría y Antropología del Deporte.