

ENCUENTROS EN LA  
BIOLOGÍA es editado por:

**Editor ejecutivo**  
Salvador Guirado

**Comité editorial**  
Ramón Muñoz-Chápoli  
Antonio de Vicente  
José Carlos Dávila  
Francisco Cánovas  
Francisca Sánchez Jiménez  
Luis Javier Palomo

**Colaborador en este  
número**  
Alejandro Pérez García

**2** Evolución del código  
genético  
Noticias breves

**3** Un reciente cambio evo-  
lutivo en el comporta-  
miento migratorio de la  
curruca capirotada  
Número de neuronas y  
comportamiento  
Noticias breves

**4** Noticias breves

# ENCUENTROS EN LA BIOLOGÍA

AÑO 1, NÚMERO 5, FEBRERO 1993.

## BACTERIAS Y "MOUSSE DE CHOCOLATE"

El desastre ecológico producido por el petrolero griego "Mar Egeo" en las costas gallegas, junto con el causado por el "Braer" en las islas Shetland, al norte de Escocia, han centrado una vez más, por desgracia, la atención de la opinión pública sobre los problemas de contaminación ocasionados por los vertidos masivos de petróleo, las denominadas mareas negras, emulsiones de agua en petróleo muy viscosas llamadas también por su aspecto "mousse de chocolate". Una de las posibles armas en la lucha contra la contaminación por hidrocarburos es la biodegradación de los mismos por las poblaciones microbianas naturales.

Los principales organismos biodegradadores de hidrocarburos en el medio ambiente son las bacterias y los hongos, predominando las bacterias en el medio acuático marino. Las principales bacterias biodegradadoras son *Pseudomonas*, *Micrococcus*, actinomicetes y corineformes. También se han descrito algas capaces de degradar algunos compuestos, no así en el caso de los protozoos.

En una reciente revisión de Leahy y Colwell [(*Microbiol. Rev.*, **54**, 305 (1990))] se repasan los diferentes factores tanto físico-químicos como biológicos que afectan a la biodegradación de los hidrocarburos. Entre los estrictamente físico-químicos destaca la propia composición química del vertido, ya que no todas las fracciones de hidrocarburos que componen el petróleo presentan la misma susceptibilidad a la degradación. Por otro lado, el estado físico del vertido también es un factor importante, ya que la degradación será mucho más efectiva cuanto más disperso se encuentre el crudo y por lo tanto presente una mayor superficie para el ataque microbiano, por lo que el empleo de dispersantes resulta muy útil para favorecer la biodegradación siempre que no sean tóxicos en sí mismos.

La temperatura también influye en la biodegradación por su efecto sobre la naturaleza física y química del petróleo y la composición de la comunidad microbiana. Aunque una temperatura elevada favorece la degradación, se han descrito altas tasas de biodegradación a temperaturas próximas a 0°C. Además, el metabo-

lismo de los hidrocarburos necesita de condiciones aeróbicas ya que requiere oxígeno molecular para los pasos iniciales de la oxidación de los mismos. Normalmente no hay limitación de oxígeno en la columna de agua, en cambio, en los sedimentos se dan condiciones anóxicas, donde a pesar de que la tasa de degradación anaeróbica de hidrocarburos es insignificante, se produce la degradación de compuestos aromáticos. Por otro lado, un vertido de petróleo al mar provoca una brutal desproporción entre C por un lado y N y P por otro, desfavorable para el crecimiento microbiano, lo que convierte al N y al P en importantes factores limitantes de la degradación. El reajuste de estas proporciones puede corregirse mediante la adición de estos nutrientes en forma de fertilizantes oleofílicos de muy distinto tipo.

Entre los factores biológicos que influyen sobre la biodegradación de los hidrocarburos destacan la composición de la comunidad microbiana indígena y su capacidad de adaptación, fenómeno por el cual se produce un incremento del potencial biodegradador de la comunidad como consecuencia de una exposición anterior a los hidrocarburos. Se han descrito tres mecanismos interrelacionados por los cuales puede ocurrir la adaptación: 1) inducción y/o desrepresión de enzimas específicos, 2) cambios genéticos como son la transferencia de genes y la mutación y 3) enriquecimiento selectivo en microorganismos capaces de transformar hidrocarburos. Los plásmidos pueden jugar un importante papel en la adaptación genética, ya que se ha demostrado, sobre todo en *Pseudomonas*, que la capacidad de degradar muchos hidrocarburos reside en estos elementos extracromosómicos altamente móviles.

En la lucha contra las mareas negras también se ha planteado la introducción de microorganismos alóctonos para aumentar la tasa de degradación. En este sentido, se han utilizado tanto cultivos mixtos con capacidades degradadoras complementarias, como superdegradadores creados mediante ingeniería genética, pero los resultados en experiencias de campo no son muy satisfactorios y los

## Noticias breves

### Belladona: Sírvase usted mismo

La Belladona (*Atropa belladonna*) es una planta solanácea fuertemente tóxica debido a su contenido en alcaloides, especialmente hiosciamina y atropina. La hiosciamina, muy abundante en la belladona, es transformada por la planta en escopolamina mediante una reacción catalizada por una hidroxilasa. La escopolamina tiene muchas aplicaciones farmacológicas debido a su acción parasimpaticolítica (anticolinérgica), por ejemplo, prevenir el mareo durante los viajes o los espasmos intestinales. Pero el contenido en escopolamina de la belladona es muy escaso y debe ser purificado por cromatografía. El panorama es diferente desde que un grupo de biotecnólogos han conseguido insertar y expresar en la belladona genes extra para la hidroxilasa que cataliza la síntesis de escopolamina [Yun et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.*, **89**, 11799 (1992)]. Las plantas genéticamente alteradas producen grandes cantidades de este alcaloide en tallo y hojas, de las que puede ser extraído fácilmente por cristalización. Por cierto, la belladona debe su nombre a que, en el siglo XVI, las mujeres empleaban el jugo de sus frutos para dar brillo a sus ojos.

mayores logros se han conseguido en ambientes controlados como son fermentadores o quimiostatos.

No obstante, se tienen depositadas fundadas esperanzas en un nuevo produc-

to que se compone de bacterias, polvo de arcilla que coagula el petróleo para que no se hunda y un fertilizante basado en el nitrógeno. **A.P.G.**

## EVOLUCIÓN DEL CÓDIGO GENÉTICO

Un grupo de investigadores japoneses reúnen una serie de evidencias sobre la "no universalidad" del código genético en una reciente revisión [(Osawa et al., *Microbiol. Rev.*, **56**:229 (1992)]. El código genético es el sistema que permite emplear la información del DNA y RNA en la síntesis de proteínas; se estableció en 1966, sobre todo a partir de *Escherichia coli*, y se consideró universal, pues se observó que era común a organismos tan diversos como virus y vertebrados. De los 64 tripletes, 61 codones codificaban aminoácidos específicos y los otros tres indicaban la finalización de la síntesis de la proteína. Esta aparente universalidad llevó a considerar que su evolución había quedado detenida.

En 1979, se descubre que el código en las mitocondrias de vertebrados varía del código "universal", y esto hace, en tan sólo algunos años, tambalearse la idea del código genético universal e invariable. Aún durante algunos años tratan de buscarse algunas explicaciones que no afecten esta universalidad, como que el pequeño tamaño del genoma mitocondrial podía tolerar cambios en el código inaceptables para el genoma nuclear. No obstante, las evidencias acumuladas en los últimos diez años, incluyendo las modificaciones del código que afectan a organismos completos, han llevado a plantearse el código genético como algo *que está todavía evolucionando*.

El primer dato que apoya esta evolución se publicó en 1979 por Barrell et al. (*Nature*, **282**: 189) que encontraron que los codones universales AUA (isoleucina) y UGA (terminación) codifican para metionina y triptófano, respectivamente, en mitocondrias humanas; estudios posteriores han demostrado que UGA también codifica para triptófano en varias especies de *Mycoplasma* y en las mitocondrias de todos los organismos estudiados, salvo en las de plantas. En los últimos años se han seguido encontrando otras modificaciones en distintos organismos, así, los codones universales de terminación UAA y UAG

codifican glutamina en el alga verde *Ace-tabularia* y en protozoos ciliados, excepto *Euplotes octacarinatus* que emplea UAA como terminación, pero UGA para cisteína. Especies de la levadura *Candida* usan CUG (leucina) para serina. De cualquier manera, la mayor parte de las desviaciones del código genético "universal" se han observado en las mitocondrias de organismos no vegetales: los cuatro codones CUN (leucina) codifican treonina en levaduras; AAA (lisina) asparragina en platelmintos y equinodermos; UAA (terminación) tirosina en planarias y los dos codones AGR (arginina) codifican serina en diferentes grupos de invertebrados y para terminación en vertebrados.

Hasta el momento no se han descrito desviaciones del código genético universal en arqueobacterias, en la mayoría de las eubacterias (salvo micoplasmas), en cloroplastos y mitocondrias de plantas y genoma nuclear de plantas y vertebrados; por el contrario en las mitocondrias de protozoos, metazoos, mohos y levaduras, pueden seguirse una serie de modificaciones en el significado de algunos tripletes, que han llevado a algunos autores [Jukes et al., *Nature*, **352**: 575 (1991)] a establecer árboles filogenéticos en función de estas modificaciones del código genético mitocondrial.

Osawa et al. (ib.) sugieren que los cambios se inician por la pérdida de un codón de todas las secuencias codificantes en un organismo u orgánulo, acompañada por la pérdida del tRNA que traduce dicho codón; posteriormente, reaparece el codón por conversión de otro codón y la aparición de un tRNA que traduce el codón reaparecido con un significado distinto. Todavía en algunos textos, estos códigos "no universales" se consideran como excepciones, pero éstas son cada vez más numerosas, y algunos de estos códigos no universales están ampliamente distribuidos en varios grupos de organismos. Los autores de esta revisión vaticinan que se seguirán descubriendo modificaciones del código genético ¿universal?. **A.V.**