

Editor ejecutivo
Salvador Guirado

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

Colaboradores en este número
José Becerra

2 Ajolotes sin corazón
Noticias breves

3 Matriz extracelular
Noticias breves

4 Noticias breves

BIODEGRADACIÓN DE XENOBIÓTICOS. A NUEVOS PROBLEMAS NUEVAS SOLUCIONES.

Los microorganismos en el medio ambiente pueden adaptarse a emplear sustancias xenobióticas (sustancias extrañas a la naturaleza, normalmente productos de síntesis química) como nuevos sustratos energéticos y biosintéticos. La lenta biodegradación de estos compuestos en ambientes naturales puede venir condicionada por distintos factores ambientales desfavorables o por la accesibilidad microbiana a estos sustratos; además esta baja biodegradabilidad se puede deber a la incapacidad de los microorganismos presentes en ese ambiente para metabolizar estos contaminantes con propiedades o estructuras químicas extrañas. Sin embargo, las comunidades microbianas expuestas a compuestos xenobióticos con frecuencia se adaptan a ellos; y en diferentes zonas del Planeta se han aislado microorganismos que poseen sistemas enzimáticos especializados y rutas metabólicas para la degradación de compuestos de síntesis como pueden ser los bifenilos clorados o los clorobenzenos.

La adaptación microbiana no es inmediata tras el primer contacto, y en general, la mineralización no comienza hasta pasado un tiempo, que puede variar entre horas y meses. Hay varios procesos moleculares y bioquímicos que pueden participar en esta respuesta adaptativa: (i) inducción de enzimas específicos en miembros de la comunidad microbiana, (ii) crecimiento de una subpoblación específica capaz de metabolizar el sustrato, (iii) selección de mutantes que adquieren nuevas actividades metabólicas de interés; este proceso selectivo suele requerir mayores tiempos de adaptación, y parece ser el mecanismo más lógico para casos como la mineralización de xenobióticos recalcitrantes como los compuestos aromáticos halogenados [Chaudry & Chappeladugu, *Mic. Rev.*, **55**, 59 (1991)].

Muchos de los xenobióticos ambientalmente importantes son derivados halogenados, sobre todo clorados. Estos productos son fabricados para emplearlos como pesticidas, plásticos, componentes de pinturas, adhesivos, refrigerantes, disolventes, etc., y llegan al medio ambien-

te por diferentes vías, pudiendo acumularse en las cadenas tróficas, contaminar aguas y provocar problemas sanitarios, ya que muchos son tóxicos, mutagénicos y/o cancerígenos. En general, estos productos son recalcitrantes a la biodegradación, sin embargo, los microorganismos han desarrollado una amplia gama de enzimas, rutas y mecanismos de control que permiten el catabolismo de muchos de estos compuestos; en múltiples ocasiones la codificación genética de estos sistemas enzimáticos reside en genes plasmídicos, los denominados plásmidos catabólicos (p.e. TOL) [Reineke et al., *Ann. Rev. Microbiol.*, **42**, 263 (1988)]. Esta degradación biológica podría aplicarse para la corrección de problemas de contaminación ambiental.

Hay dos rutas básicas para la degradación de compuestos organohalogenados: la eliminación del haluro de hidrógeno o la sustitución de los halógenos por diferentes vías enzimáticas, como por ejemplo los sistemas monooxigenasa (aerobiosis) o la vía reductiva (anaerobiosis) [Neilson, *J. Appl. Bacteriol.*, **69**, 445 (1990)]. Muchos contaminantes tóxicos pueden ser biodegradados por eliminación reductiva de radicales halogenados, y en bastantes casos esta es la única vía biodegradativa. Aunque se conocen muchas especies microbianas que catabolizan la dehalogenación reductiva de compuestos alifáticos, son muy pocas las que actúan sobre compuestos aromáticos; en el caso de los derivados aromáticos el proceso se lleva a cabo fundamentalmente por comunidades anaerobias sintroficas. No obstante, algunas bacterias como *Desulfomonile tiedjei* dehalogenan compuestos aromáticos en cultivo puro; este anaerobio es muy característico fisiológica y morfológicamente, incluyendo su capacidad de obtener energía del proceso de dehalogenación reductiva [Mohn & Tiedje, *Microbiol. Rev.*, **56**, 482 (1992)].

La caracterización de un número creciente de rutas aeróbicas para la degradación de compuestos aromáticos sustituidos en distintas bacterias ha permitido comparar las semejanzas en las secuen-

2

Noticias breves

Viejos microbios

Es bien conocida la capacidad de muchos microorganismos de resistir condiciones adversas para su desarrollo durante largo tiempo, en forma de esporas. Pero, ¿durante cuánto tiempo se mantienen estos organismos viables, es decir, capaces de volver a dividirse? Existen frecuentes casos que informan del aislamiento de bacterias o levaduras procedentes de tiempos remotos. Para reunir esta información, dos científicos neozelandeses han creado una base de datos donde pretenden registrar todos los casos de preservación de organismos por más de 100 años, sea manteniendo su viabilidad o no [Kennedy y Reader, *Nature*, **360**, 634 (1992)]. Un curioso ejemplo entre los organismos preservados en forma viable son los *Enterobacter* aislados del intestino de un mastodonte congelado hace 11.000 años. El caso del microorganismo que ha mantenido su viabilidad por más tiempo es un *Bacillus circulans*, aislado de depósitos salinos fechados en 650 millones de años. Quizá el caso más pintoresco de los registrados es el de una levadura de cerveza obtenida entre los restos de un naufragio producido en 1825, a partir de la cual un avispado industrial ha comercializado una cerveza "como las de antes".

cias nucleotídicas y la organización genética existente entre los genes y proteínas implicados en estas rutas catabólicas especializadas. Estos datos sugieren que módulos distintos conteniendo grupos de genes se han combinado de diferentes maneras en las diversas rutas catabólicas descritas [van der Meer et al., *Microbiol. Rev.*, **56**, 677 (1992)]. La información obtenida de las secuencias parece indicar la divergencia de los genes catabólicos que codifican enzimas especializadas en la degradación de productos xenobióticos. Aún no hay respuesta a la cuestión de si estas enzimas especializadas evolucionan a partir de isoenzimas más comunes, sólo tras la introducción a gran escala de los xenobióticos en el ambiente. Se han obtenido datos acerca de que una amplia gama de mecanismos genéticos, como la transferencia de genes, deriva genética, recombinación genética y transposición, pueden acelerar la evolución de las rutas

catabólicas en bacterias, sin embargo, aún no hay información cuantitativa sobre las tasas con que estos procesos genéticos ocurren en el medio ambiente y cómo responden a la presencia del sustrato potencial.

Una vez conocidas las bases genéticas del catabolismo de un xenobiótico, es posible mejorar la eficacia de los microorganismos e incluso construir nuevos microorganismos capaces de degradar contaminantes más eficientemente en ambientes acuáticos y suelos. Recientemente se han clonado una serie de genes cuyos productos enzimáticos tienen una gran especificidad por determinados compuestos aromáticos y se han conseguido operones sintéticos que reúnen a estos genes degradativos; estos "cassettes" de genes se pueden transferir al huésped microbiano adecuado para diseñar las rutas para la rápida degradación de compuestos recalitrantes. **A.V.**

AJOLOTES SIN CORAZÓN

No se trata de una nueva versión del extraordinario relato de Julio Cortázar. El título hace referencia a un fenómeno biológico aún no completamente elucidado. La divulgación científica suele complacerse en describir momentos estelares de la ciencia, la resolución de enconados problemas, los más recientes descubrimientos... De esta forma corre el riesgo de dar la falsa impresión de que la ciencia es una actividad con una dinámica imparable y que no conoce obstáculos. Basta que un equipo de científicos dirija la artillería metodológica adecuada hacia un enigma, para que este se desvele en un plazo más o menos largo. Sin embargo los misterios que se resisten siguen siendo innumerables. Uno de ellos es, precisamente, el de los ajolotes sin corazón.

Sin corazón funcional, hablando con más propiedad. Se trata de una cepa de ajolotes (*Ambystoma mexicanum*), llevada de México a Estados Unidos a principios de los 70. Los ajolotes son anfibios urodelos frecuentes en lagos y cursos de agua de América del Norte. Son bien conocidos por su metamorfosis facultativa; en determinadas circunstancias ambientales (p.e. bajas temperaturas del agua) retienen caracteres larvarios, tales como las branquias externas, y alcanzan así la madurez sexual y la reproducción con el aspecto de grandes larvas.

En la cepa de ajolotes mejicanos que nos ocupa se descubrió, hace más de veinte años, una sorprendente mutación, denominada c (por "cardiac lethal"), autosómica y recesiva [Humphrey, *Dev. Biol.* **27**, 365 (1972)]. Los embriones mutantes homocigóticos (c/c) desarrollan en principio un corazón más o menos normal desde el punto de vista estructural, pero que no comienza a latir en el estado de desarrollo en que lo hacen los heterocigotos (c/+) o los no portadores de la mutación (+/+). A medida que progresa el desarrollo, el corazón c/c se va distendiendo y su pared permanece muy delgada, con una sola capa de células, sin adquirir el grosor de un corazón normal. Las pequeñas larvas comienzan incluso a nadar libremente, a pesar de que su corazón no late, pero la falta de circulación hacia los riñones produce la acumulación de líquido en las cavidades celómicas (ascitis) y la muerte unos veinte días después del momento en que el corazón debía empezar a latir. Una primera constatación morfológica es que en el miocardio mutante no se llegan a formar los sarcómeros, los aparatos contráctiles constituidos por el ensamblaje de la actina, la miosina y una decena larga de otras proteínas. La miosina y la tropomiosina son muy escasas en el miocardio mutante, y la actina no llega siquiera a polimerizarse en filamentos. En cambio, el