

Ambio ciencias

REVISTA DE DIVULGACIÓN



FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS Y AMBIENTALES. UNIVERSIDAD DE LEÓN



REVISTA nº 1 / Diciembre 2007



Foto: Manuel Álvarez

★ 1968 ★



★ 2007 ★

Comité Editorial

José Luis Acebes Arranz	Profesor Titular del Área de Fisiología Vegetal
Ana Alonso Simón	Personal Investigador en Formación del Área de Fisiología Vegetal
Juan Ramón Álvarez Bautista	Catedrático de Universidad del Área de Lógica y Filosofía de la Ciencia
Gemma Ansola González	Vicedecana de la Facultad de CC. Biológicas y Ambientales
Antonio Encina García	Profesor Ayudante Doctor del Área de Fisiología Vegetal
Penélope García Angulo	Profesor Ayudante del Área de Fisiología Vegetal
Estanislao Luis Calabuig	Catedrático de Universidad del Área de Ecología
Francisco Javier Rúa Aller	Profesor Titular del Área de Bioquímica y Biología Molecular

Edita: Facultad de Ciencias Biológicas y Ambientales de la Universidad de León.

Imprime: Secretariado de Publicaciones. Servicio de Imprenta de la Universidad de León. Vicerrectorado de Planificación y Evaluación.

Financiación: Esta revista ha contado con ayudas aportadas por el Vicerrectorado de Planificación y Evaluación (programa PAID 2006) y por la Fundación Española para la Ciencia y la Tecnología, dentro del programa de ayudas para actividades a realizar en el Año de la Ciencia 2007.

ISSN: 1988-3021

Dep. Legal: LE-903-07



Universidad de León



Facultad de Ciencias
Biológicas y



En portada:

El oso cantábrico, especie críticamente amenazada, se ha convertido en estandarte de calidad del ambiente montano. Su escasez y su carácter huidizo hacen poco menos que imposible contemplarlo en su hábitat natural. La fotografía de la portada fue tomada por **Manuel Álvarez** en Cabárceno (Cantabria).

ÍNDICE

Editorial	2
A fondo	
Biología y genética molecular del cáncer	
Eugenio Santos.....	3
Poniendo en claro	
Evolución humana: pruebas filogenéticas	
Sonia Paredes Menéndez y Jennifer Ramos Carro.....	7
Siguiendo la pista	
Caracterización de los poli-3-hidroxicanoatos (bioplásticos) acumulados por bacterias recombinantes que expresan independientemente los genes <i>phaC1</i> y <i>phaC2</i> de <i>Pseudomonas putida</i> U	
Ángel Sandoval, Joaquín Rodríguez, Mario Arcos y Sagrario Rivas.....	18
Baúl de la ciencia	
El raro oso cantábrico	
Francisco J. Purroy.....	29
Uno de los nuestros	
BUFFON, en el tercer centenario de su nacimiento (7-IX-1707/16-IV-1788)	
Juan Manuel Nieto Nafría.....	35
Mi proyecto de tesis	
Ecología trófica de los peces en lagunas someras y su efecto sobre el epifiton de las plantas	
Saúl Blanco Lanza.....	40
Ambiólogos de aquí	
Desde el lejano Oeste Zamorano	
Victor Casas del Corral.....	43
Noticias de actualidad	46



EDITORIAL

La universidad europea en general, y la española en particular, está en puertas de experimentar un cambio trascendente que determinará la configuración de los títulos universitarios y su validez intraeuropea en el siglo XXI. Es el proceso llamado de convergencia europea, Proceso de Bolonia o últimamente Espacio Europeo de Educación Superior (EEES).

Recientemente se ha publicado la normativa sobre **ORDENACIÓN DE LAS ENSEÑANZAS UNIVERSITARIAS OFICIALES**. Como todo cambio, ha generado y generará una serie de reacciones, no todas positivas, en el dilatado tiempo en el que se ha gestado y en el futuro inmediato. En los últimos cuatro años hemos confeccionado LIBROS BLANCOS sobre titulaciones, revisado y criticado documentos de trabajo en forma de fichas técnicas y hasta ocho propuestas o borradores sobre la organización de las enseñanzas universitarias.

Ahora podemos decir que se ha llegado a un punto sin retorno. Los profesores deberemos replantear nuestra forma de enseñar y los futuros alumnos serán mucho más libres en su forma de aprendizaje. La enseñanza presencial se reducirá sustancialmente, se baraja no más del 40 o el 50% del tiempo destinado a las clases teóricas y prácticas. Aparecerán nuevas herramientas docentes y cobrarán mayor protagonismo los trabajos dirigidos y las tutorías personalizadas.

En este tiempo de preparación previa hemos barajado conceptos como *actividades formativas* y *competencias*. Al margen de las competencias específicas y de las habilidades instrumentales propias de cada titulación, se deben ofrecer competencias transversales tales como capacidad de organización y planificación, capacidad de análisis y síntesis, resolución de problemas y trabajo en equipo, todas ellas destacadas por los egresados encuestados.

Todos estos aspectos están siendo alcanzados por diversas vías e iniciativas, que desde hace años varios profesores están impulsando en nuestra Facultad, por lo que sólo será necesario ponerlo en valor e incluirlo en las correspondientes Guías Docentes.

Dentro de estas innovaciones se enmarca la revista *AmbioCiencias*, de la cual este número uno ve ahora la luz; en ella los estudiantes podrán encontrar el primer medio de publicación para sus investigaciones tuteladas. Pero también compartirán estas páginas con algunos de sus profesores y de personalidades en diferentes campos de la Ciencia. Nuestro agradecimiento a todos los que colaboran en este número con sus artículos. Presentada en el Curso de verano del Escorial ha sido muy bien valorada y esperamos que poco a poco adquiera la importancia que tiene en la nueva organización de las enseñanzas universitarias que se avecina.

El Decano de la Facultad
José Carlos Pena Álvarez

A FONDO

Biología y genética molecular del cáncer

Eugenio Santos

Director del Centro de Investigación del Cáncer (USAL-CSIC), Salamanca.

Gracias a la biología molecular, durante el último cuarto de siglo se ha establecido y aceptado universalmente el **paradigma genético del cáncer** –que los tumores surgen como consecuencia de la acumulación de mutaciones en genes que controlan la proliferación, diferenciación o muerte celular. Dependiendo de la función de sus proteínas producto y de la naturaleza de las alteraciones genéticas sufridas, los genes implicados en procesos tumorales pueden agruparse en dos grupos fundamentales: oncogenes y genes supresores de tumores. Puesto que los productos codificados por **protooncogenes** ejercen efectos de control positivo sobre la proliferación celular, su mutación oncogénica en tumores les confiere un carácter dominante desde el punto de vista genético. Es precisamente este carácter dominante de los oncogenes identificados lo que nos facilitó su detección mediante técnicas de transfección al principio de los años 80. Los productos de **genes supresores de tumores** ejercen un papel regulador negativo sobre los procesos de proliferación celular, lo que determina que su mutación en procesos tumorales les confiera un carácter recesivo. Esta recesividad hizo más difícil su identificación desde el punto de vista técnico, lo que explica el desfase temporal en su caracterización respecto a los oncogenes dominantes.

	Genes supresores	Protooncogenes
Alelos mutados en cáncer	Los dos alelos	Solamente un alelo
Transmisión a través de la línea germinal	Muy frecuente	Muy infrecuente
Implicación de mutaciones somáticas en el desarrollo tumoral	Si	Si
Función del alelo mutado	Pérdida de función (alelo recesivo)	Ganancia de función (alelo dominante)
Efecto sobre el crecimiento celular	Inhibición	Promoción
Predisposición a cáncer como resultado de la mutación	Cáncer específico	Muchos tipos de cáncer

Fig.1. Propiedades de genes supresores de tumores y protooncogenes.

El análisis bioquímico y funcional de los productos de los varios genes tumorales indica que éstos juegan papeles fundamentales en procesos de transducción de señales implicadas en control de la proliferación, diferenciación o muerte celular. Estos estudios han esclarecido cómo la progresión normal del ciclo celular es el resultado de una interacción cuidadosamente equilibrada entre múltiples reguladores codificados por protooncogenes y genes supresores. No es sorprendente, por tanto, que cualquier alteración funcional a nivel de uno de estos múltiples reguladores produzca un ciclo celular alterado que finalmente desemboca en la progresión neoplásica. Esta simplificación conceptual ha permitido definir al cáncer, a nivel molecular, como una “enfermedad genética del ciclo celular”. También permite empezar a entender la naturaleza multifásica del cáncer, un proceso de múltiples etapas que requiere la acumulación de sucesivos eventos de mutación somática (oncogenes, genes supresores, genes de susceptibilidad) y de selección clonal que producen variantes en la descendencia celular con propiedades de crecimiento cada vez más agresivas. Este carácter multifásico ilustra también claramente la estrecha relación existente entre cáncer y envejecimiento celular.

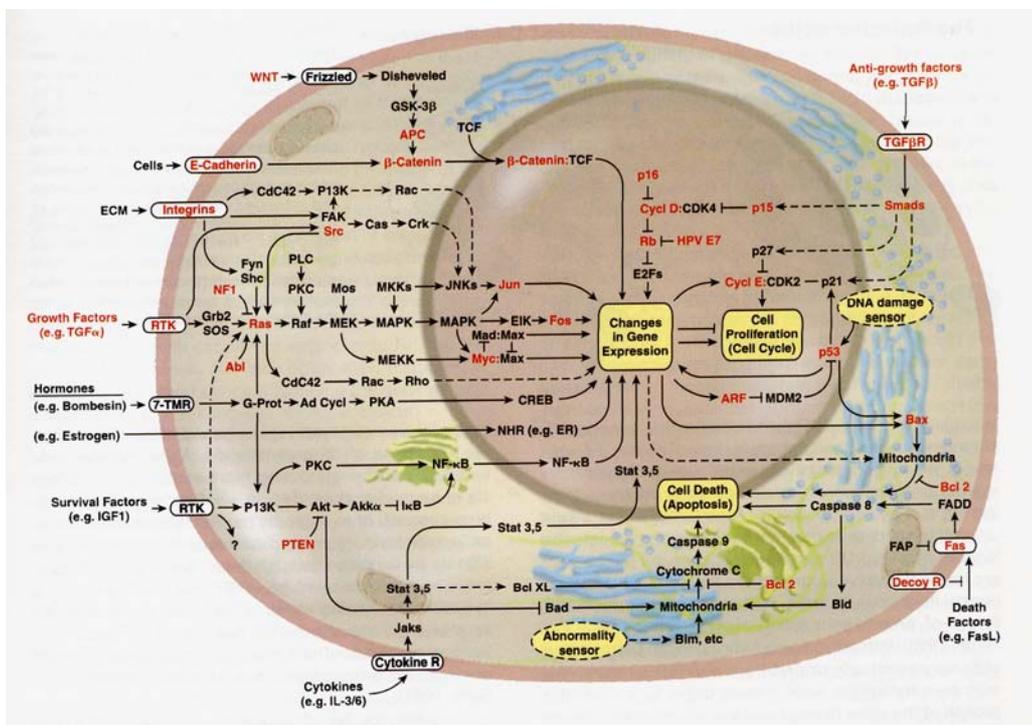
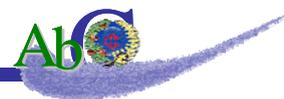


Fig.2. Cáncer y redes de señalización celular. Los productos de oncogenes y genes supresores son componentes de redes de señalización conservadas a lo largo de la evolución que controlan la proliferación, la diferenciación o la muerte celular. Tomado de Hanahan y Weinberg. *Cell* 2000; 100:57-70.



Los importantes **avances recientes en la identificación de las alteraciones genéticas y moleculares de las células tumorales humanas** están empezando a ser utilizados actualmente con éxito para su **aplicación a nivel clínico**. Estas aplicaciones están produciendo avances muy significativos tanto en el campo del diagnóstico y del pronóstico de la enfermedad como en la generación de nuevas aproximaciones terapéuticas. Así, por ejemplo, secuencias específicas de ácidos nucleicos están siendo utilizadas con gran precisión como marcadores de progresión tumoral en situaciones clínicas variadas. Igualmente, la gran cantidad de información acumulada recientemente sobre la biología y regulación del genoma humano y de una serie de organismos modelo está empezando a ser utilizada, por medio de diversas aproximaciones experimentales, para el diseño y caracterización de nuevos fármacos antitumorales. El *Gleevec* es un nuevo fármaco antitumoral que representa un claro ejemplo de éxito reciente en este campo. Finalmente, tecnologías recientes tales como la microdissección por láser y los diversos tipos de “*microarrays*” de ácidos nucleicos o de proteínas utilizados en Genómica y Proteómica ofrecen esperanzas significativas de completar en un futuro próximo la identificación de las “*firmas moleculares*” de los diferentes tipos de tumores y/o estadios de los mismos.

En los comienzos del siglo XXI nos encontramos en una situación más favorable que nunca para avanzar en el objetivo de la erradicación del cáncer. Disponemos ya de un enorme cuerpo de conocimientos teóricos sobre los genes, proteínas y vías de señalización implicados en cáncer. Por otra parte, tenemos la práctica certeza, basada en la observación de resultados de laboratorios de todo el mundo, de que esos conocimientos se van a ir ampliando día a día de manera muy significativa. Todos estos nuevos conocimientos básicos nos están proporcionando un arsenal de nuevas ideas investigadoras con las que atacar los problemas de la prevención, detección, diagnóstico y terapia del cáncer en los próximos años. No sabemos cuán largo será el camino que nos lleve a la consecución de nuestro objetivo final, pero confiamos que el esfuerzo coordinado de la comunidad científica nos permitirá recorrerlo en el menor tiempo posible.



Eugenio Santos de Dios nació en Salamanca en 1953 y actualmente es Director del Centro de Investigación del Cáncer de dicha ciudad. Se doctoró en la universidad salmantina en 1978, y a continuación realizó su estancia postdoctoral en el Instituto Roche de Biología Molecular, donde también desarrollaba su actividad el Premio Nobel Severo Ochoa. En 1981 se incorporó al National Cancer Institute (Bethesda), integrándose en el Laboratorio de Biología Celular y Molecular, dirigido por el doctor Stuart Aaronson, dentro del grupo del profesor Mariano Barbacid.

Allí realizó tareas de investigación sobre aspectos básicos de la transformación maligna debida a oncogenes, llegando a clonar el primer oncogén humano a partir de células T24 del carcinoma de vejiga. Descubrió el efecto canceroso del oncogén H-ras y determinó su localización cromosomal. A partir de 1985, sus investigaciones se centraron en el análisis estructural y funcional de las proteínas codificadas por los genes ras y su función en procesos fisiológicos y patológicos, lo cual significó un avance trascendental dentro del campo de la biología molecular y posibilitó el inicio de numerosas investigaciones sobre la genética del cáncer. A lo largo de su trayectoria científica ha recibido un gran número de premios y galardones, como los siguientes: Premio monográfico de la Asociación Española contra el Cáncer (1984), Premio Severo Ochoa de Investigación Biomédica (1986), Premio Castilla y León de Investigación Científica y Técnica (1995) y la Orden Civil de Sanidad (2003).



PONIENDO EN CLARO

Evolución humana: pruebas filogenéticas

Sonia Paredes Menéndez ¹ y Jennifer Ramos Carro ²

Facultad de C.C. Biológicas y Ambientales. Universidad de León. Alumnas de 5º curso de Biología (curso 2006-07).

¹(biospm00@estudiantes.unileon.es), ²(biojrc00@estudiantes.unileon.es).

Los datos moleculares permiten realizar análisis filogenéticos y de coalescencia entre poblaciones humanas, ya sean actuales o fósiles, mostrando la historia evolutiva de los últimos 5 millones de años, cuando se produjo la diferenciación entre chimpancés y humanos. Muchas son las hipótesis propuestas sobre nuestro pasado más reciente, lo que refleja la incertidumbre existente debido a la escasez de datos fidedignos y la dificultad de obtener nuevos datos. En este trabajo se presentan algunas de las pruebas más significativas y con mayor aceptación, incluyendo el último y novedoso estudio realizado tras la obtención de ADN nuclear de un fósil de neandertal. La investigación va más allá de una simple curiosidad sobre el pasado del hombre; puede reflejar pruebas de la adaptación a nivel molecular y ayudar a interpretar y predecir desequilibrios de ligamiento, con posibles aplicaciones en estudios de asociación de enfermedades a marcadores genéticos.

Palabras clave

Neandertal, reemplazamiento, multirregional, ADN mitocondrial, cromosoma Y, migración.

Origen de la especie *Homo sapiens*

En un contexto taxonómico, se localiza la especie humana (*Homo sapiens*) dentro del taxón primate Catarrhini, el cual incluye a los monos del Viejo Mundo y a los Hominoidea. El primer análisis cladístico sitúa a los humanos junto a los grandes simios africanos dentro de la subfamilia Homininae; sin embargo, la escasez de registros fósiles mantiene hoy día la incertidumbre sobre el origen del *Homo sapiens*, reflejando la complejidad de su patrón evolutivo.

El *H. sapiens* moderno aparece en el registro fósil por primera vez hace unos 100.000 años en África e Israel y posteriormente en Europa y Asia. Los argumentos sobre su origen (**Fig. 1**) se basan en pruebas paleontológicas, arqueológicas y en el análisis genético, creándose un rango de hipótesis sobre la transición evolutiva desde *H. ergaster/erectus* a *H. sapiens*:

- Modelo de reemplazamiento africano (“out of Africa”): se sugiere que *H. sapiens* evolucionó en África y posteriormente emigró a Europa y Asia, reemplazando a *H. erectus* y *H. neanderthalensis* sin que hubiese intercambio genético con ellos.
- Modelo de hibridación y asimilación: propone que *H. sapiens* evolucionó en África y posteriormente emigró a Europa y Asia, reemplazando poblaciones locales, pero en este caso se produce hibridación entre los recién llegados y los residentes.
- Evolución multirregional: según este modelo, *H. sapiens* evolucionó a la vez en Europa, África y Asia, existiendo un flujo genético suficiente entre las poblaciones que mantuvo la continuidad como especie única.
- Modelo del candelabro: mantiene que *H. sapiens* evolucionó independientemente en Europa, África y Asia, sin flujo genético entre regiones. Éste ha sido rechazado por la comunidad científica, al considerarse imposible que una misma especie, *H. sapiens*, pueda emerger en paralelo en tres regiones distintas y presente continuidad sin flujo genético.

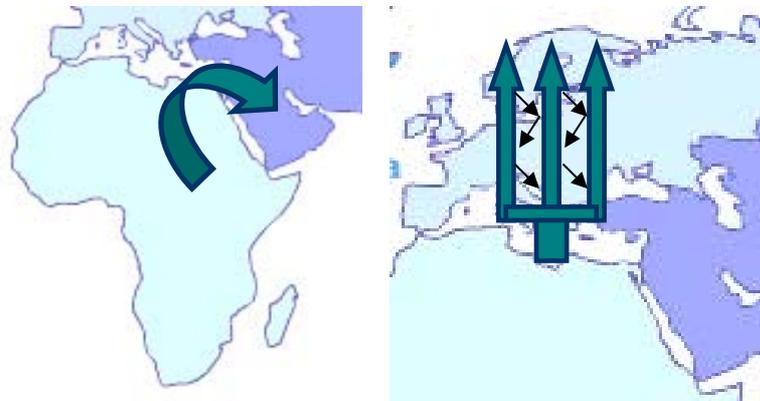
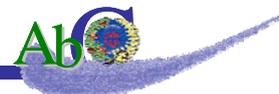


Fig.1. Esquema representativo del modelo “out of Africa” (izquierda) y el modelo multirregional (derecha). Las flechas pequeñas negras representan flujo génico.

Si la hipótesis del reemplazamiento es la correcta, la variación racial actual sería el resultado de una diferenciación geográfica reciente que tuvo lugar en los últimos 100.000-200.000 años, después de que los *H. sapiens* modernos emigraran. Si, por el contrario, el modelo del candelabro fuese correcto, la variación racial actual se remontaría a 1,5-2 millones de años.



Pruebas arqueológicas y paleontológicas

Frayer y col. (1993) han argumentado a favor del modelo multirregional, en contra del modelo del reemplazamiento africano, basándose en datos arqueológicos y paleontológicos. Mantienen que el modelo de reemplazamiento africano predice que el registro arqueológico tiene que mostrar pruebas de cambios bruscos, a nivel tecnológico, debido a la competencia directa entre los invasores (*H. sapiens*) y los residentes (*H. erectus* y otras formas africanas de *Homo*), que provoque la suplantación de *H. sapiens* de una forma masiva en Europa. Waddle y Lieberman (1994) emplearon aproximaciones estadísticas y cladísticas para evaluar ambos modelos. Concluyen que todos los humanos modernos se parecen más a antiguas formas africanas que los grupos regionales a las formas primitivas locales. Si están en lo cierto, los ejemplos de Frayer y col. (1993) son el resultado de evolución convergente de caracteres regionales distintivos en *H. erectus* y *H. sapiens*.

A finales de los años 90 del siglo pasado se describió un conjunto de fósiles humanos procedentes de la Gran Dolina de Atapuerca (Bermúdez de Castro y col., 1997). Se trata de *H. antecessor* una nueva especie, datada entre 780.000 y 980.000 años, un posible ancestro común de humanos modernos y neandertales. En el otro extremo, Trinkaus y col. (1998) han encontrado características que interpretan como mezclas de neandertales y humanos modernos en restos hallados en Francia y Portugal datados aproximadamente en 30.000 años. Según el equipo de Trinkaus, este hecho podría indicar un posible cruce entre ambas especies. *H. antecessor* y posibles híbridos entre neandertales y humanos modernos, podrían dar nueva vida al modelo multirregional, al menos en el contexto Europeo. Sin embargo, el gran contraste morfológico entre *H. sapiens* y *H. neanderthalensis* y estudios moleculares basados en análisis de ADN, sugieren una discontinuidad antropológica física importante y por tanto, un reemplazamiento completo de la población en la transición del Paleolítico Medio a Superior, como predice el modelo de reemplazamiento africano.

Pruebas moleculares

Los análisis genéticos proporcionan una referencia para realizar predicciones que permitan distinguir entre los modelos de reemplazamiento africano y de evolución multirregional (**Tabla 1**).

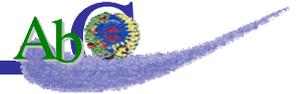


Tabla 1. Predicciones genéticas que diferencian a los modelos evolutivos

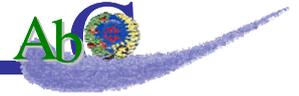
Criterio	PREDICCIONES	
	Reemplazamiento africano	Evolución multirregional
1. Localización de los ancestros de alelos neutrales	Mayoritariamente en África	Aleatoria
2. Tiempo de divergencia de poblaciones africanas y no africanas	≤ 200.000 años	≥ 1 millón de años
3. Diversidad genética	Mayor en África	Aproximadamente la misma en todas las regiones
4. Conjunto de alelos neutrales	Los alelos presentes en Europa y Asia son un subconjunto de los africanos	Cada región tendrá algunos alelos propios; los de ninguna son subconjunto de los de otra

Tras el planteamiento propuesto en la **Tabla 1** surgen los siguientes problemas:

- El origen africano de *H. ergaster/erectus* podría sesgar la localización de alelos neutrales hacia África incluso bajo la evolución multirregional.
- El flujo génico entre poblaciones regionales puede reducir la edad aparente de la divergencia poblacional bajo el modelo de evolución multirregional.
- El origen africano de *H. ergaster/erectus* y el flujo génico o la selección podrían generar una mayor diversidad en África, incluso bajo el modelo de evolución multirregional
- El origen africano de *H. ergaster/erectus* puede implicar que los alelos presentes en Europa y Asia sean un subconjunto de los africanos, incluso bajo el modelo de evolución multirregional

ADN mitocondrial

La variación del ADN proporciona un método alternativo para reconstruir la historia reciente de las poblaciones humanas. Se emplea el ADN mitocondrial y secuencias del cromosoma Y no apareantes porque, a diferencia de otros marcadores, no



son propensos a recombinación y es posible seguir linajes de manera directa a través de las líneas materna (mtADN) o paterna (cromosoma Y).

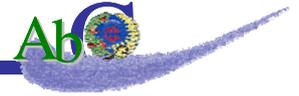
Las mitocondrias presentan un genoma haploide propio, independiente del genoma nuclear. Durante la formación del cigoto, el espermatozoide contribuye al óvulo con su genoma nuclear pero no con el mitocondrial. Por tanto, el genoma mitocondrial del cigoto lo determina de manera exclusiva el presente en el óvulo, considerándose un orgánulo de herencia materna.

La transmisión directa matrilineal y la ausencia de recombinación permiten aplicar fácilmente un análisis de coalescencia. El objeto del análisis de coalescencia es comenzar desde la diversidad genética que existe en la actualidad en algún locus y regresar a través de la evolución, buscando una secuencia ancestral única representativa del ancestro común más reciente.

Investigaciones realizadas por S. Blair Hedges y colaboradores, basadas en datos de secuencias no codificantes del ADN mitocondrial de 189 personas de distintas regiones geográficas, muestran un árbol evolutivo que sigue la ascendencia materna hasta un punto donde todos convergen en una única hembra. El árbol sugiere que esta mujer vivió en África y ha sido denominada Eva Mitocondrial, aunque hay muchos autores a los que no les gusta este término debido a que esta hembra no era la única antecesora de las 189 personas actuales. Estas 189 personas tienen un gran número de ancestros hembra indirectos, que fueron contemporáneos de su ancestro maternal directo común, de las cuales heredaron muchos de sus genes nucleares. El hecho de que el ancestro común viviese en África no es significativo para dilucidar entre los modelos de reemplazamiento africano y de evolución multirregional, ya que ambos modelos incluyen un ancestro común para todos los humanos actuales, pero si parece clave la datación del ancestro común de todos los ADN mitocondriales.

Vigilant y col. (1991) proponen una estima de la datación, del ancestro común de todos los ADN mitocondriales, entre 166.000 y 249.000 años:

1. Asumiendo que las mutaciones se acumulan en el mtADN con una velocidad constante.
2. Comparando secuencias humanas con secuencias de chimpancé.
3. Empleando estimaciones aceptadas de los tiempos de divergencia entre humanos y chimpancés para calibrar el reloj molecular.



Estas fechas de divergencia entre poblaciones africanas y no africanas parece ser más consecuente con la hipótesis del reemplazamiento africano que predice que sucedió hace unos cientos de miles de años. Sin embargo, poblaciones conectadas pueden divergir antes o después de la divergencia de sus alelos, siendo posible que el reloj mitocondrial muestre una división, entre poblaciones africanas y no africanas, más reciente de lo que lo es en realidad.

Bowcock realizó un análisis de 30 loci microsatélites mitocondriales de personas de 14 poblaciones para estimar si todos reflejan la misma historia de una divergencia reciente entre poblaciones africanas. En cada loci microsatélite se encuentran diferentes alelos, cuyas frecuencias pueden utilizarse para estimar distancias genéticas y a partir de ellas se propone un árbol filogenético. El árbol agrupa poblaciones geográficamente vecinas con una profunda separación de las poblaciones africanas de las no africanas.

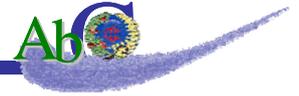
A pesar de estos datos, aún es posible argumentar, bajo el modelo de evolución multirregional, que hubo suficiente flujo génico para que la división pareciera más reciente de lo que realmente fue. Más difícil es explicar cómo pudo mantenerse cualquier diferenciación regional de caracteres durante más de un millón de años desde desde el punto de vista de este modelo.

El estudio de linajes mitocondriales formados como consecuencia de mutaciones, conocidos como haplogrupos, permite reconstruir la historia evolutiva a partir del haplogrupo más antiguo de ADN mitocondrial, L1, aún presente en bosquimanos y pigmeos Biaka. Douglas McDonald ha propuesto un viaje que incluye pruebas fósiles y pruebas basadas en el análisis de ADN mitocondrial, datando y explicando la aparición de los distintos haplotipos intrínsecamente relacionados con los movimientos migratorios y colonización de *H. sapiens*.

Cromosoma Y

La existencia de regiones polimórficas no recombinantes en el genoma nuclear de varones, como es el caso de regiones presentes en el cromosoma Y, ha contribuido a la realización de análisis de coalescencia de la línea paterna.

Estudios realizados por Underhill y col. (2000), tras el análisis de 160 polimorfismos binarios de la región no apareante del cromosoma Y en 1.062 individuos, concluyen que una minoría de khoisánidos y poblaciones del Este de África



representan la mayoría de los linajes paternos más ancestrales de los humanos modernos que abandonaron África hace aproximadamente 35.000 - 89.000 años. La edad del ancestro común más reciente la estiman entre 40.000-140.000 años, una datación más reciente que la obtenida con los análisis de ADN mitocondrial.

Investigaciones similares de Wilson y Balding muestran una revisión de los datos obtenidos en estudios de microsatélites del cromosoma Y. El análisis que proponen muestra una edad del ancestro común más reciente entre 15.000 - 130.000 años con un probabilidad del 95%, corroborando su origen africano reciente.

El proceso mutagénico que ha permitido que surjan nuevas variantes o haplotipos en la región no apareante del cromosoma Y permite, al igual que el ADN mitocondrial, realizar análisis de coalescencia, aunque se ha observado que la distribución y los patrones migratorios no se corresponden con los obtenidos para el linaje matrilineal.

Existen varios problemas en estos estudios; como pueden ser la posibilidad de no tener un conocimiento exacto de la tasa de mutación y del tiempo de generación, que complican el análisis de los haplotipos. Asimismo la variación no se acumula en una proporción constante, sino que las variantes, o alelos, a veces se pierden por deriva génica.

Oota y col. (2001) propone una hipótesis basada en una mayor tasa migratoria de la mujer respecto al hombre en relación al fenómeno de patriarcalidad, en el que es la mujer la que se traslada a la residencia del hombre después del matrimonio.

Estudios con ADN genómico/secuencia Alu

Un estudio de Tishkoff y col. (1996), examinó la variación alélica en un locus del cromosoma 12 donde se sitúa un polimorfismo de repetición corta en tándem. La secuencia TTTTC, repetida entre 4 y 15 veces, se encuentra en una región de ADN no codificante, produciendo un total de 12 alelos. El estudio ha mostrado que las poblaciones africanas manifiestan más diversidad alélica que las poblaciones no africanas, concordando con la hipótesis del modelo de reemplazamiento africano. Esto supone que la escasa diversidad genética es consecuencia del efecto fundador de pequeños grupos emigrantes, posiblemente africanos que han dado lugar a las poblaciones no africanas. Además, observaron que cada región mostraba un conjunto de alelos que se consideraba un subconjunto de los presentes en la región anterior. Este



patrón no sólo es consecuente con el modelo de reemplazamiento africano, sino que también concuerda con los criterios 3 y 4 (**Tabla 1**) del modelo de evolución multirregional.

ADN procedente de neandertal

Los neandertales se expandieron a través de Eurasia hace, por lo menos, 300.000 años, desarrollando su propia cultura hasta hace, aproximadamente, 45.000 años. Un equipo dirigido por Svante Pääbo recuperó una secuencia de ADN mitocondrial de un esqueleto de *H. neanderthalensis* que vivió en Alemania hace entre 30.000 y 100.000 años. En los análisis más recientes, los investigadores compararon la secuencia del Neandertal con 663 secuencias de mtADN de humanos modernos, 7 secuencias de chimpancés y 12 secuencias de bonobos.

Utilizando todas estas secuencias para realizar un análisis filogenético, los investigadores encontraron que los humanos modernos de Europa, África, Asia, América, Australia y Oceanía están más íntimamente relacionados entre sí que cualquiera lo está con el europeo primitivo. De hecho, la secuencia de neandertal no se parece más a las secuencias de los europeos que a las del resto de humanos modernos y tiene, en promedio, tres veces más diferencias con los humanos modernos que éstos entre ellos. Más aún, empleando un tiempo de divergencia de 4 ó 5 millones de años, entre chimpancés y humanos, que es conservativo, Krings y col. (1999), estiman que la divergencia del neandertal respecto a los humanos modernos se produjo entre 217.000 y 741.000 años. Estos resultados apoyan el modelo de reemplazamiento africano. No obstante esta conclusión no es definitiva, se basa en un único individuo primitivo de una única región geográfica y deja abierta la posibilidad de que los europeos modernos heredasen los genes nucleares, y no los mitocondriales, de los antiguos europeos.

Desgraciadamente, recuperar ADN de fósiles es difícil, y puede llegar a ser imposible en huesos de más de 100.000 años. Por lo tanto, no es de extrañar el impacto que ha supuesto la publicación del análisis de un millón de pares de bases de ADN neandertal, realizado recientemente por Green y col. (2006).

El uso de una tecnología especialmente desarrollada para este estudio ha permitido copiar pequeñas piezas de ADN que han sobrevivido durante 38.000 años en el hueso fosilizado. La complicación en la obtención de secuencias de ADN neandertal, aparte de su degradación a lo largo del tiempo que hace que sea más frágil, es la



presencia de ADN extraño perteneciente a bacterias y hongos que colonizaron el cuerpo después de la muerte y el ADN de las personas que manipularon los fósiles. Este estudio, a partir de la extracción de mtADN, reveló unas diferencias drásticas entre las muestras debido a que muchas de ellas presentaron contaminaciones de ADN humano moderno, llegando incluso a un 90% en algunos casos. Sin embargo, este mismo análisis resultó satisfactorio tras encontrar una muestra que provenía de restos hallados en Vindija (Croacia) que presentaba un 99% de ADN originario de neandertal, no contaminado con ADN de humanos modernos.

Este trabajo previo permitió reproducir ADN nuclear del fósil Vi-80 y secuenciarlo. Los *Homo* modernos y los neandertales comparten más de 10.000 pares de bases, los *Homo* modernos difieren de los neandertales y chimpancés en 400 pares de bases, mientras que los neandertales difieren de los *Homo* modernos y chimpancés en, aproximadamente, 3.500 nucleótidos. Esta diferencia tan elevada puede atribuirse a alteraciones del ADN procedente de fósiles. Una comparación directa del árbol de los tres homínidos ha revelado que sólo un 7% de los cambios genéticos entre humanos y chimpancés acontecieron después de que el linaje humano se separase del linaje neandertal hace aproximadamente 500.000 años. Esto hace que se plantee la pregunta de qué efecto han tenido estas pequeñas diferencias genéticas y cómo influyeron las mutaciones genéticas en la divergencia de nuestros ancestros. Los investigadores también se han preguntado cuál es la frecuencia existente en alelos ancestrales presentes en neandertales o la frecuencia de nuevas variantes que comparten con los humanos modernos. Para Svante Pääbo, existen pruebas de un intercambio de material genético entre *Homo* modernos y neandertales. Pääbo promete que pronto estará disponible la secuencia del genoma completo de un neandertal, esta secuencia no sólo ofrecerá nueva información sobre el pasado evolutivo de los humanos sino que también proporcionará información sobre regiones de nuestro propio genoma en las que se han acumulado más cambios, sobre todo desde su separación con los neandertales. Es probable que estas regiones hayan sido afectadas por selección positiva y hayan podido tener un papel importante en la aparición de genes específicos de los *Homo* modernos.

Conclusión

El conjunto de las pruebas que se ha presentado parece que favorece más al modelo del reemplazamiento africano del origen de *H. sapiens*. Ninguna de las pruebas



es definitiva, de modo que no se puede descartar alguna forma de modelo intermedio. No obstante, tomadas en conjunto, los datos genéticos y algunos de los morfológicos sugieren que todos los hombres actuales descienden de ancestros de *H. sapiens* que dejaron África hace unos pocos cientos de miles de años. Las diferencias actuales existentes entre razas han aparecido desde entonces.

Bibliografía

- Bermúdez de Castro, J.M., Arsuaga, J.L., Carbonell, E., Rosas, A., Martínez, I., Mosquera, M. (1997). A hominid from the lower pleistocene of Atapuerca, Spain: possible ancestor to Neandertals and Modern Humans. *Science*. 276, 1392-95.
- Frayer, D. W., Wolpoff M. H., Thorne A.G, Smith F. H., Pope G.G. (1993). Theories of modern human origins: The paleontological test. *Am. Anthropol*. 95: 14-50.
- Freeman S., Herron J.C. (2002). *Evolución humana. Análisis Evolutivo*. Prentice Hall.
- Green, R.E., Krause, J., Ptak, S. E., Briggs, A. W., Ronan, M. T., Simons, J. F., Du, L., Egholm, M., Rothberg, J. M., Paunovic, M., Pääbo, S. (2006). Analysis of one million base pairs of Neandertal ADN. *Nature* 444: 330-336.
- Hedges, S. B., Kumar, S. K. Tamura, Stoneking M. (1992). Human origins and analysis of mitochondrial ADN sequences. *Science*. 255: 737-739.
- Horai S., Satta Y., Hayasaka K., Kondo R., Inoue T., Ishida T., Hayashi S., Takahata N. (1992). Man's place in the Hominoidea revealed by mitochondrial ADN genealogy. *J. Mol. Evol.* 35: 32-43.
- <http://www.mcdonald.cam.ac.uk/genetics/mtADNworld/one.html>
- Ian J., Wilsona B., Balding D. J. (1998). Genealogical inference from microsatellite data. *Genetics* 150: 499-510.
- Krings, M., Geisert, H., Schmitz, R., Krainitzki W., H., Pääbo, S. (1999). ADN sequence of the mitochondrial hypervariable region II from the Neandertal type specimen. *Proc. Natl Acad. Sci.* 96: 5581–5585.
- Lieberman, D.E. (1995). Testing hypotheses about recent human evolution from skulls: Integrating morphology, function, development, and phylogeny. *Curr. Anthropol*. 36: 159-197.
- Oota, H., Settheetham-Ishida, W., Tiwawech, D., Ishida, T., Stoneking, M. (2001). Human mtADN and Y-chromosome variation is correlated with matrilineal versus patrilineal residence. *Nat. Genet.* 29: 20-21.
- Salas, A., Richards, M., de la Fe, T., Lareu, M.V., Sobrino, B., Sánchez-Diz, P., Macaulay, V., Cariacido, A. (2002). The making of the african mtADN Landscape. *Am J Hum Genet* 71: 1082-1111.



- Stoneking, M., Fontius, J.J., Clifford, S.L, Soodyall, H., Arcot, S.S., Saha, N., Jenkins, T., Tahir, M.A., Deininger, P.L., Batzer, M.A. Alu insertion polymorphisms and human evolution: evidence for a larger population size in Africa. *Genome Res.* 7: 1061–1071.
- Sutovsky, P., Moreno R.D., Ramalho-Santos J., Dominko T., Simerly C., Schatten G. (1999). Ubiquitin tag for sperm mitochondria. *Nature* 402: 371-372.
- Tishkoff, S.A., Kidd, K.K., Risch, N. (1996). Interpretations of multiregional evolution. *Science* 274: 706-707.
- Trinkaus, E., Ruff, C.B, Churchill, S.E., Vandermeersch B.(1998). Locomotion and body proportions of the Saint- Césaire 1 Châtelperronian Neandertal. *PNAS* 95: 5836–5840.
- Underhill P.A., Shen, P., Lin, A. A., Jin, L., Passarino, G, Yang, W.H., Kauffman, E., Bonn -Tamir, B., Bertranpetit, J., Francalacci, P., Ibrahim, M., Jenkins, T., Kidd, J.R., Mehdi, S.Q, Seielstad, M.T., Wells, R.S., Piazza, A., Davis, R.W., Feldman, M.W., Cavalli-Sforza L., Oefner P.J. (2000). Y chromosome sequence variation and the history of human populations. *Nat. Genet.* 26: 358-361.
- Vigilant, L., Stoneking, M., Harpending, H., Hawkes, K., Wilson, AC. (1991). African populations and the evolution of human mitochondrial ADN. *Science* 27: 1503–1507.
- Waddle, D. M. (1994). Matrix correlation tests support a single origin for modern humans. *Nature* 368: 452–454.
- Wilson, I.J., Bolding, D.J. (1998). Genealogical inference from microsatellite data. *Genetics* 150:499-510.



SIGUIENDO LA PISTA

Caracterización de los poli-3-hidroxicanoatos (bioplásticos) acumulados por bacterias recombinantes que expresan independientemente los genes *phaC1* y *phaC2* de *Pseudomonas putida* U

Ángel Sandoval, Joaquín Rodríguez*, Mario Arcos* y Sagrario Rivas.

*Alumnos de Tercer Ciclo

Departamento de Biología Molecular, Área Bioquímica, Universidad de León

Pseudomonas putida U es una cepa bacteriana que posee capacidad de acumular intracelularmente biopolímeros plásticos, debido a la existencia de un sistema de polimerización-despolimerización (codificado en el *locus pha*) integrado principalmente por dos polimerasas, PhaC1 y PhaC2. Mediante varios estudios *in vivo* realizados en este trabajo se ha puesto de manifiesto la diferente especificidad de sustrato de ambas polimerasas, lo que puede contribuir a la síntesis de nuevos bioplásticos (PHAs) con características diferentes a los que se obtienen actualmente.

Palabras clave: PHAs, biopolímeros, *Pseudomonas*.

Introducción

Las células, tanto eucariotas como procariontes, pueden acumular en su interior una serie de biopolímeros entre los que cabe destacar los ácidos nucleicos, las proteínas, los polisacáridos, polifosfatos, poliisoprenoides (gomas naturales), polifenoles (ligninas) y otros compuestos orgánicos (cutina). Además, existe una amplia variedad de microorganismos capaces de acumular intracelularmente **polihidroxicanoatos (PHAs)**. Entre ellos podemos citar heterótrofos aeróbicos (*Pseudomonas*) o anaeróbicos (*Azotobacter*); metilótrofos (*Methylocystis*), fotótrofos aeróbicos y anaeróbicos (*Rhodospirillum*, *Chromatium*) e incluso arqueobacterias tales como *Halobacterium*.

En función de la longitud de la cadena carbonada del grupo R, se puede establecer una clasificación sencilla de los polihidroxicanoatos. Según este criterio, definiríamos como polihidroxicanoatos de cadena corta (*short-chain-length-PHAs*, scl-PHAs) aquellos en los que el grupo R es un grupo metilo o etilo (polihidroxibutirato o polihidroxivalerato) y como polihidroxicanoatos de cadena media (*medium-chain-length-PHAs*, mcl-PHAs) aquellos en los que el grupo R varía desde propilo (polihidroxihexanoato) hasta nonilo (polihidroxidodecanoato).

Los PHAs aparecen en el interior celular como cuerpos de inclusión discretos localizados en el citoplasma de la célula bacteriana. Este tipo de polímeros posee una

serie de características físico-químicas y de propiedades que recuerdan a las de los plásticos de origen petroquímico, por lo que usualmente se les denomina bioplásticos.

Pseudomonas putida U es una cepa bacteriana Gram- que posee la capacidad de acumular intracelularmente biopolímeros plásticos constituidos por monómeros de 3-OH-n-alcanoatos o bien de 3-OH-n-fenilalcanoatos cuando se cultiva en un medio químicamente definido (medio mínimo - MM -) (Martínez-Blanco y col., 1990) suplementado con n-alcanoatos o n-fenilalcanoatos (con una longitud de cadena alifática entre seis y diez átomos de carbono). Estos compuestos, que actúan como material de reserva, aparecen como gránulos electroclaros cuando se observan al microscopio electrónico de transmisión. En *P. putida* U tres genes (*phaC1*, *phaZ* y *phaC2*) incluidos en el *locus pha*. (**Fig. 1**) están implicados en la síntesis y en la movilización de estos polímeros.

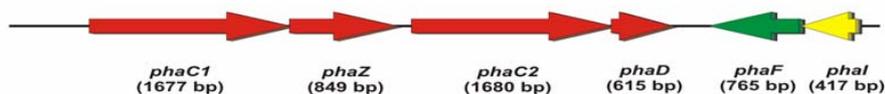
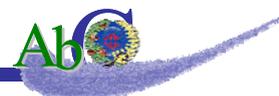


Fig. 1. Organización del *locus pha* en *Pseudomonas putida* U. *phaC*, gen que codifica la polimerasa I (*PhaC1*); *phaZ*, gen que codifica la despolimerasa (*PhaZ*); *phaC2* gen que codifica la polimerasa II (*PhaC2*); *phaD*, *phaF*, *phaI*, genes que codifican las proteínas *PhaD* y las dos fasinas (*PhaF* y *PhaI*).

La capacidad biosintética de PHAs en *P. putida* U se debe a la existencia de un sistema de polimerización-despolimerización (codificado en el *locus pha*) integrado por dos polimerasas, *PhaC1* y *PhaC2*, y una despolimerasa, *PhaZ* (García y col., 1999). Además está implicada una acil-CoA sintetasa, dos rutas de oxidación (Olivera y col., 2001a,b), así como otros elementos (*phaF* y *phaI*) que codifican proteínas que juegan un papel importante en la regulación (*PhaD*) y en la correcta formación y almacenamiento intracelular de los gránulos de polímero plástico (*PhaF* y *PhaI*).

A la vista de los escasos resultados obtenidos mediante otras estrategias para establecer el papel que llevan a cabo *in vivo* cada una de esas enzimas (*PhaC1* y *PhaC2*), nosotros abordamos el estudio de su especificidad de sustrato utilizando una estrategia experimental diferente a la seguida por otros grupos y que implicaba los siguientes pasos: a) diseño de una cepa de *P. putida* U manipulada genéticamente en la



que se ha delecionado el *cluster pha* entero (*P. putida* U Δpha); b) amplificación mediante PCR de los genes (*phaC1* y *phaC2*) que codifican cada una de las polimerasas y clonación en un plásmido replicativo en *P. putida* U (pBBR1MCS-3); c) transformación de *P. putida* U Δpha con esas construcciones y d) análisis de los PHAs acumulados por esas cepas recombinantes cuando se cultivan en diferentes medios (MM) suplementados con diferentes ácidos n-alcanoicos y n-aril-alcanoicos.

Materiales y Métodos

Cepas bacterianas: *Pseudomonas putida* U (Department of Biochemistry, University of Leicester, Leicester, U.K.); *Escherichia coli* DH10B (cepa utilizada en experimentos de transformación), *Escherichia coli* pRK600 (Herrero y col., 1990; cepa empleada como *helper* (ayudante) en experimentos de conjugación triparental); *Pseudomonas putida* U Δpha (cepa derivada de *P. putida* U a la que le ha sido eliminado mediante delección el *locus pha* de polimerización-despolimerización (*phaC1* - *phaZ* - *phaC2* - *phaD* - *phaF* - *phaI*).

Vectores: pGEM[®]-T Easy (Promega; se utiliza para la clonación directa de los productos obtenidos mediante amplificación por reacción en cadena de la polimerasa (PCR)); pJQ200KS (Quandt y col., 1993; vector suicida que permite delección génica); pBBR1MCS-3 (Kovach y col., 1995; posee capacidad de replicarse autónomamente en multitud de cepas bacterianas, incluidas *E. coli*, *P. fluorescens* y *P. putida* y se utiliza habitualmente para la expresión heteróloga de genes en *trans* en *P. putida* U; de aquí en adelante se nombrará como pMC).

Medios de cultivo: medio Luria Bertani (LB) (Miller, 1972); medio SOC (Hanahan, 1983); medio mínimo (MM) de *Pseudomonas* (Martínez-Blanco y col., 1990).

Obtención de mutantes (*Pseudomonas putida* U Δpha) mediante delección: La delección del *locus pha* implica un proceso de doble recombinación que tiene lugar a través de dos fragmentos adyacentes al gen que se quiere delecionar, clonados en el vector integrativo pJQ200KS, y posterior selección del mutante por expresión del gen letal *sacB* (Donnenberg & Kaper, 1991; Quandt & Hynes, 1993; Sandoval y col., 2007). La posición y extensión de la delección se confirma en los mutantes obtenidos mediante PCR.

Obtención de las construcciones pBBR1MCS-3-*phaC1* y pBBR1MCS-3-*phaC2*: Los genes *phaC1* y *phaC2* fueron amplificados mediante PCR. Los fragmentos así obtenidos se clonaron en el vector pBBR1MCS-3 (pMC) (Kovach y col., 1995; Sandoval y col., 2007). Este plásmido, pMC, es replicativo en *Pseudomonas* y por tanto, nos permite llevar a cabo un análisis “*in vivo*” de la expresión de *phaC1* y de *phaC2* en *P. putida* U Δ *pha*. Estas dos construcciones (pMC-*phaC1* y pMC-*phaC2*) se transfirieron mediante conjugación triparental a *P. putida* U Δ *pha* y de este modo se obtuvieron dos cepas recombinantes (*P. putida* U Δ *pha* pBBR1MCS-3-*phaC1* y *P. putida* U Δ *pha* pBBR1MCS-3-*phaC2*) que se denominarán a partir de ahora como Pp Δ *pha* pMC-*phaC1* y Pp Δ *pha* pMC-*phaC2*.

Proceso de conjugación (*mating*) triparental: obtención de Pp Δ *pha* pMC-*phaC1* y Pp Δ *pha* pMC-*phaC2*. El *mating* triparental (Fig. 2) es un procedimiento de conjugación y como todos ellos necesita una cepa donadora, una receptora y en este caso una intermediaria (*helper*) que ayuda al transporte del material genético. En los experimentos que nos ocupan, la cepa donadora ha sido *E. coli* DH10B pMC-*phaC1/phaC2*, la cepa receptora *P. putida* U Δ *pha* y la cepa intermediaria *E. coli* pRK600.

Extracción de polímero plástico: El cultivo celular se desarrolla en MM suplementado con ácido 4-hidroxifenilacético (4-OH-PhAc) como fuente de carbono para soportar el crecimiento y otra fuente de carbono (n-alcanoato ó n-fenilalcanoato) que aporte los precursores necesarios para la biosíntesis de polímero plástico. Cuando el cultivo se encuentra próximo a alcanzar la fase estacionaria de crecimiento, se recogen las células, mediante centrifugación, se liofilizan y se pesan.

Una vez obtenido y pesado el liofilizado, se sigue el protocolo descrito por Lageveen y col. (1988). Para extraer el polímero se añade una mezcla de cloroformo/metanol en proporción 1:10. La naturaleza de los PHAs acumulados por las diferentes cepas se estableció como se ha descrito en otros casos (Lageveen y col., 1988; García y col., 1999) y su contenido y su composición se determinó por cromatografía de gases y resonancia magnética nuclear del ^{13}C como se había descrito previamente (García y col., 1999; Olivera y col., 2001b).

Mating triparental

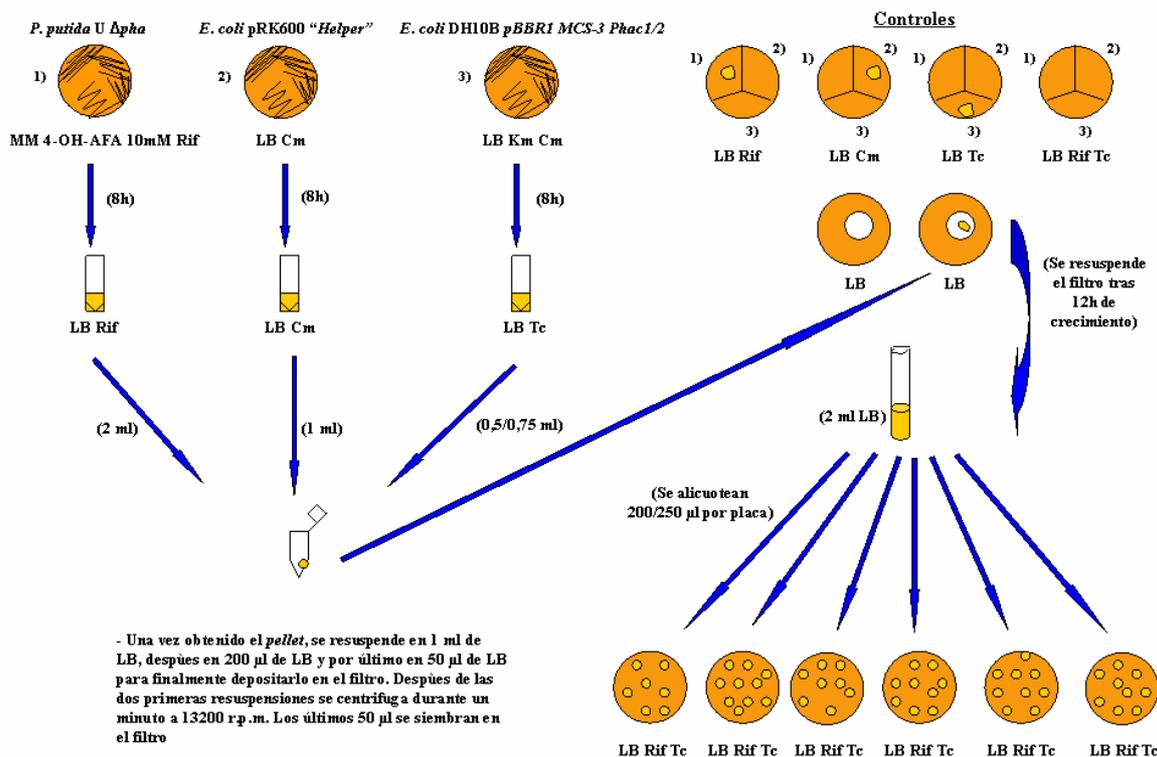
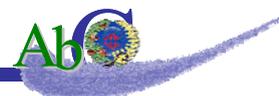


Fig. 2. Representación del *mating triparental*. Cada cepa se sembró el día antes del mating en su medio específico y con el antibiótico adecuado, según la resistencia de la cepa. Los controles del mating se siembran a partir de los diferentes cultivos utilizando un volumen de 50 µl. Las colonias finales serán transconjugantes con resistencia a Rif y Tc (*PpΔpha pMC-phaC1* ó *PpΔpha pMC-phaC2* según la *PhaC1* clonada en el *pBRR1MCS-3*).

Resultados

Cuando *Pseudomonas putida* U se cultiva en medio químicamente definido (MM) (Martínez-Blanco y col., 1990; García y col., 1999) suplementado con precursores de polihidroxicanoatos (PHAs) (García y col., 1999; Olivera y col., 2001a; 2001b) acumula intracelularmente, como material de reserva, diferentes PHAs de naturaleza alifática (3-OH-n-alcanoatos), aromática (3-OH-arilalcanoatos), o mezcla monomérica de alifáticos y aromáticos.

El estudio de la especificidad de sustrato de las polimerasas PhaC1 y PhaC2 en *P. putida* U se llevó a cabo en la cepa *PpΔpha*, que se utilizó como receptora en diferentes experimentos de conjugación mediante los que se transfirieron las construcciones *pMC-phaC1* y *pMC-phaC2*. De este modo se obtuvieron las cepas



recombinantes Pp Δ pha pMC-phaC1 y Pp Δ pha pMC-phaC2. La cepa Pp Δ pha, aunque presenta deleciónado todo el *cluster pha* (*P. putida* U Δ pha C1ZC2DF1), mantiene intacto el resto de los elementos que pueden participar en la síntesis/acumulación de PHAs.

Con el objeto de analizar el bioplástico acumulado por *P. putida* U, Pp Δ pha y las dos cepas recombinantes Pp Δ pha pMC-phaC1 y Pp Δ pha pMC-phaC2, estas bacterias se cultivaron en placas con MM sólido al que se le había añadido como fuente de carbono 4-OH-PhAc y diferentes precursores de PHAs de naturaleza alifática (ácidos acético, propiónico, butírico, valérico, hexanoico, heptanoico, octanoico, nonanoico y decanoico) o aromática (ácidos fenilacético, fenilpropiónico, fenilbutírico, fenilvalérico, fenilhexanoico, fenilnonanoico o fenildecanoico) (García y col., 1999).

De este modo se observó que mientras Pp Δ pha era incapaz de acumular PHAs en todos los medios probados. Sin embargo, Pp Δ pha pMC-phaC1 y Pp Δ pha pMC-phaC2 sí sintetizaban estos biopolímeros en algunos medios, y, además, la acumulación de estos poliésteres en esas dos cepas difería bastante en función del precursor utilizado.

Así, cuando estas bacterias se cultivaron en MM líquido suplementado con ácidos alcanóicos (As) se observó que Pp Δ pha pMC-phaC1 era capaz de sintetizar PHAs en aquellos medios que contenían As con una longitud de cadena carbonada de más de cinco átomos (desde hexanoico a decanoico), acumulando una mayor cantidad de polímero en presencia de ácido decanoico. En este caso, el contenido en PHA (dado como porcentaje con respecto a peso seco) fue del 30%, y el polímero sintetizado contenía un 65% de ácido 3-OH-decanoico y un 35% de ácido 3-OH-octanoico. Cuando se utilizaron como precursores de PHAs los ácidos nonanoico, octanoico, heptanoico o hexanoico, la cantidad de PHA acumulado decreció proporcionalmente según la longitud de la cadena carbonada del ácido utilizado (23, 20, 15 y 9% respectivamente), siendo su composición relativa, 60% de ácido 3-OH-nonanoico y 40% de ácido 3-OH-heptanoico; 97% de ácido 3-OH-octanoico y 3% de ácido 3-OH-hexanoico; 100% de ácido heptanoico y 100% de ácido hexanoico respectivamente. Estos resultados sugieren que PhaC1 no polimeriza 3-OH-As-CoA derivados con una longitud de cadena carbonada inferior a seis átomos, y que, además, esta enzima reconoce mejor 3-OH-n-acyl-CoA derivados (3-OH-n-alcanoil-CoA) con una cadena carbonada constituida por ocho o más átomos.

Cuando estos mismos experimentos se llevaron a cabo con la cepa *PpΔpha* pMC-*phaC2*, se observaron ciertas diferencias con respecto a PhaC1. Así, la cantidad del PHA sintetizado decrecía (19, 17, 11, 8 y 6%) cuando la longitud de la cadena carbonada del compuesto utilizado como precursor incrementaba (ácido hexanoico, heptanoico, octanoico, nonanoico y decanoico, respectivamente), siendo máxima con el ácido hexanoico y heptanoico (19 y 17 % respectivamente). La composición relativa de los polímeros acumulados fue: 100% de ácido 3-OH-hexanoico; 100% de ácido 3-OH-heptanoico; 75% de ácido 3-OH-hexanoico y 25% de ácido 3-OH-octanoico; 80% de ácido 3-OH-heptanoico y 20% de ácido 3-OH-nonanoico; y 54% de ácido 3-OH-hexanoico, 37% de ácido 3-OH-octanoico y 9% de ácido 3-OH-decanoico cuando se utilizaron los ácidos hexanoico, heptanoico, octanoico, nonanoico y decanoico, respectivamente.

Estos datos revelan que aunque ambas enzimas polimerizan monómeros con una longitud de cadena carbonada de más de cinco átomos, PhaC2 utiliza preferentemente 3-OH-hexanoil-CoA, mientras que el mejor sustrato de PhaC1 es el 3-OH-decanoil-CoA.

Cuando se utilizaron precursores aromáticos, las diferencias en cuanto a la especificidad de sustrato de ambas polimerasas, PhaC1 y PhaC2, fueron mucho más evidentes. Además, cuando se cultivaron *PpΔpha* pMC-*phaC1* y *PpΔpha* pMC-*phaC2* en MM con 4-OH-PhAc para soportar el crecimiento y con diferentes ácidos fenilalcanoicos (PhAs, desde ácido fenilacético hasta ácido 10-fenildecanoico), se observó que ambas cepas eran incapaces de acumular PHAs cuando la longitud de la mitad alifática de la cadena carbonada del precursor utilizado tenía menos de cinco átomos (**Fig. 3 y 4**).

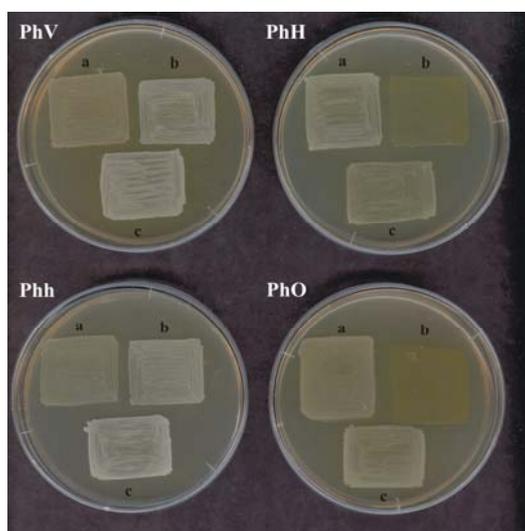


Fig. 3. Cepas *PpΔpha* pMC-*phaC1* (a), *PpΔpha* pMC-*phaC2* (b) y *Pseudomonas putida* U (c). Comparación de acumulación de biopolímeros en MM con ácido 4-OH-fenilacético y todo ello suplementado con ácido fenilvalérico, fenilhexanoico, fenilheptanoico y feniloctanoico respectivamente. (El aspecto blanquecino indica capacidad acumulativa de biopolímeros).

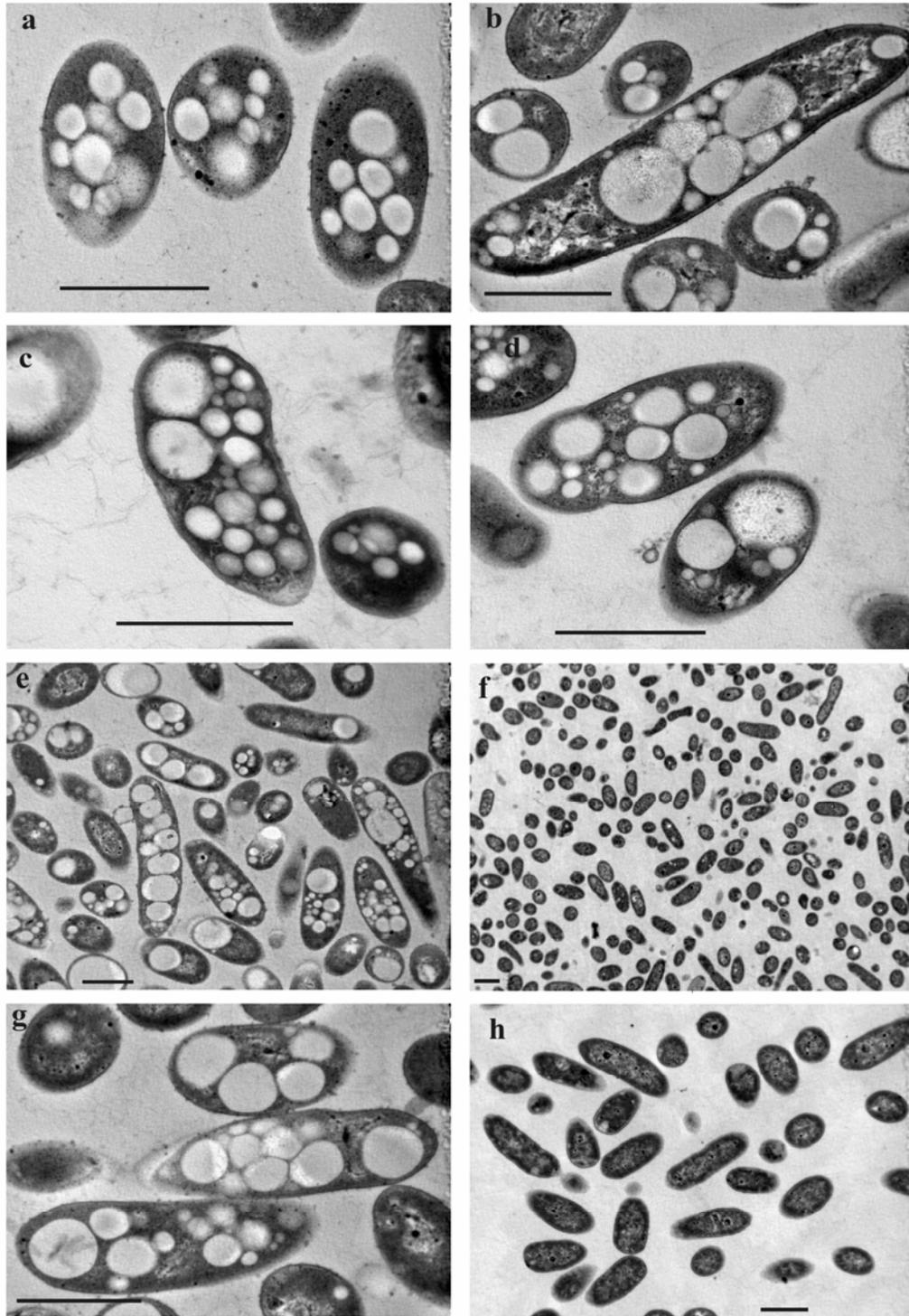


Fig. 4. Fotografía electrónica de Pp Δ pha pMC-phaC1 (a,b,c,d) y Pp Δ pha pMC-phaC2 (e, f, g, h) cultivadas en MM con 4-OH-PhAc (10mM) suplementado con ácido 5-fenilvalérico 10mM (a,e); ácido 6-fenilhexanoico 10mM (b,f); ácido 7-fenilheptanoico 10mM (c,g) y ácido 8-feniloctanoico 10mM (d,h).

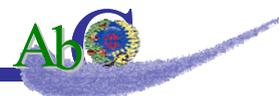
Así, *PpΔpha pMC-phaC1* era capaz de acumular diferentes PHAs dependiendo de los precursores utilizados, tal y como se ha visto cuando esta cepa se cultivaba en MM suplementado con los ácidos 5-fenilvalérico (100% de ácido 3-OH-fenilvalérico); 6-fenilhexanoico (100% de ácido 3-OH-fenilhexanoico); 7-fenilheptanoico (80% de ácido 3-OH-fenilvalérico y 20% de ácido 3-OH-fenilheptanoico); 8-feniloctanoico (65% de ácido 3-OH-fenilhexanoico y 35% de ácido 3-OH-feniloctanoico); 9-fenilnonanoico (60% de ácido 3-OH-fenilhexanoico, 35% de ácido 3-OH-fenilheptanoico y 5% de ácido 3-OH-fenilnonanoico); y 10-fenildecanoico (50% de ácido 3-OH-fenilhexanoico, 33% de ácido 3-OH-feniloctanoico y 17% de ácido 3-OH-fenildecanoico).

Por el contrario, *PpΔpha pMC-phaC2* sólo acumulaba PHAs cuando se cultivaba en MM que contenía PhAs con un número impar de átomos de carbono, como los ácidos 5-fenilvalérico, 7-fenilheptanoico y 9-fenilnonanoico, siendo incapaz de sintetizar PHAs cuando el medio se suplementaba con ácido 6-fenilhexanoico, 8-feniloctanoico ó 10-fenildecanoico (**Fig. 3**). Además, el análisis de los PHAs acumulados reveló que en los tres casos el único polímero acumulado fue poli-3-OH-fenilvalerato, lo cual sugiere que el 3-OH-fenilvaleril-CoA (3-OH-PhV-CoA) es el único monómero que puede ser polimerizado por PhaC2.

Conclusiones

A la vista de los resultados obtenidos tras realizar diferentes estudios *in vivo* con las polimerasas PhaC1 y PhaC2 de *P. putida* U, se puede concluir que ambas enzimas presentan diferente especificidad de sustrato. Así, mientras PhaC1 es capaz de polimerizar varios monómeros alifáticos y aromáticos (siendo los mejores sustratos el ácido 3-OH-decanoil-CoA y el ácido 3-OH-5-fenilvaleril-CoA), PhaC2 sólo polimeriza un compuesto aromático (ácido 3-OH-5-fenilvaleril-CoA) y ciertos alifáticos (utilizando como mejor sustrato el ácido 3-OH-hexanoil-CoA).

El conocimiento de la especificidad de sustrato de PhaC1 y de PhaC2 puede contribuir a conseguir sintetizar PHAs con unas características distintas a los que actualmente se obtienen.



Agradecimientos

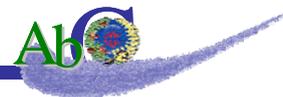
Estos resultados han sido obtenidos en el Departamento de Biología Molecular en un proyecto dirigido por el Prof. José María Luengo Rodríguez. La financiación de esta investigación ha sido satisfecha por la Excma Diputación Provincial de León (2005), por la Junta de Castilla y León (LE40A06, 2006) y por la Comisión Interministerial de Ciencia y Tecnología (CICYT) (BIO2003-05309-C04-01 y BFU2006-15214-C03-03/BMC) del Ministerio de Educación y Ciencia.

Bibliografía

- Anderson, A. J., Haywood, G. W., Williams, D. R., Dawes, E. A. (1990) The production of polyhydroxyalkanoates from unrelated carbon sources. E. A. Dawes (ed.), Novel biodegradable microbial polymers. Kluwer. Academic Publishers, Dordrecht, The Netherlands. vol. 186.
- Donnenberg, M.S., Kaper J.B. (1991). Construction of an eae deletion mutant of enteropathogenic *Escherichia coli* by using a positive-selection suicide vector. Infect. Immun. 59: 4310-4317.
- García, B., Olivera, E. R., Miñambres, B., Fernández-Valverde, M., Cañedo, L. M., Prieto, M. A., García, J. L., Martínez, M., Luengo, J. M. (1999). Novel biodegradable aromatic plastics from a bacterial source. Genetic and biochemical studies on a route of the phenylacetyl-CoA catabolon. J. Biol. Chem. 274: 29228-29241.
- Hanahan, D. (1983) Studies on transformation of *Escherichia coli* with plasmids. J. Mol. Biol. 166: 557-580.
- Haywood, G. W., Anderson, A. J., Williams, G. A., Dawes, E. A., Ewing, D. F. (1991). Accumulation of a poly(hydroxyalkanoate) copolymer containing primarily 3-hydroxyvalerate from simple carbohydrate substrates by *Rhodococcus* sp. NCIMB 40126. Int. J. Biol. Macromol. 13: 83-88.
- Herrero, M., De Lorenzo, V., Timmis, K. N. (1990). Transposon vectors containing non-antibiotic selection markers for cloning and stable chromosomal insertion of foreign DNA in gram-negative bacteria. J. Bacteriol. 172: 6557-6567.
- Kovach, M. E., Elzer, P. H., Hill, D. S., Robertson, G. T., Farris, M. A., Roop R. M., Peterson K. M. (1995). Four new derivatives of the broad-host range cloning vector pBBR1MCS, carrying different antibiotic-resistance cassettes. Gene 166: 175-176.
- Lageveen, R. G., Huisman, G. W., Preusting, H., Ketelaar, P., Eggink, G., Witholt, B. (1988). Formation of polyesters by *Pseudomonas oleovorans*. Effect of substrates on formation and composition of poly-(R)-3-hydroxyalkanoates and poly-(R)-3-hydroxyalkenoates. Appl. Environ. Microbiol. 54: 2924-2932.



- Martínez-Blanco, H., Reglero, A., Rodríguez-Aparicio, L. B., Luengo, J. M. (1990). Purification and biochemical characterization of phenylacetyl-CoA ligase from *Pseudomonas putida*. A specific enzyme for the catabolism of phenylacetic acid. *J. Biol. Chem.* 265: 7084-7090.
- Miller, J. H. (1972) *Experiments in Molecular Genetics*, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY.
- Olivera, E. R., Carnicero, D., García, B., Miñambres, B., Moreno, M. A., Cañedo, L., Dirusso, C. C., Naharro, G., Luengo, J. M. (2001a). Two different pathways are involved in the β -oxidation of n-alkanoic and n-phenylalkanoic acids in *Pseudomonas putida* U: genetic studies and biotechnological applications. *Mol. Microbiol.* 39: 863-874.
- Olivera, E. R., Carnicero, D., Rodra, R., Miñambres, B., García, B., Abraham, G. A., Gallardo, J., San Román, J., García, J. L., Naharro, G., Luengo, J. M. (2001b). Genetically engineered *Pseudomonas*: a factory of new bioplastics with broad applications. *Environ. Microbiol.* 3: 612-618.
- Quandt, J., Hynes, M. F. (1993). Versatile suicide vectors which allow direct selection for gene replacement in Gram-negative bacteria. *Gene.* 127: 15-21.
- Sandoval, A., Arias-Barrau, E., Arcos, M., Naharro, G., Olivera, E. R., Luengo, J. M. (2007) Genetic and structural analysis of different mutants of *Pseudomonas putida* U affected in the poly-3-hydroxy-n-alkanoate gene cluster. *Environ. Microbiol.* 9: 737-751.
- Valentin, E. H., Lee, Y. E., Choi, C. Y., Steinbüchel, A. (1994). Identification of 4-hydroxyhexanoic acid as a new constituent of biosynthetic polyhydroxyalkanoic acids from bacteria. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 40: 710-716.
- Valentin, H. E., Dennis, D. (1996) Metabolic pathway for poly(3-hydroxybutyrate co- 3-hydroxyvalerate) formation in *Nocardia corallina*: Inactivation of mutB by chromosomal integration of a kanamycin resistance gene. *Appl. Environ. Microbiol.* 62: 372-379.



BAÚL DE LA CIENCIA

El raro oso cantábrico

Francisco J. Purroy

Algo más del centenar de ejemplares, con menos de una veintena en el núcleo oriental (Redes, Picos de Europa, Fuentes Carrionas y La Liébana), hacen del oso pardo cantábrico una especie críticamente amenazada. Enormes dominios vitales, gran movilidad y vida frugal, condicionada por la montanera de robles, hayas y castaños, caracterizan los hábitos del plantígrado. Disparos furtivos, lazos y veneno provocan una mortalidad no natural funesta. Los estudios de la Universidad de León, con el radiomarcaje de Salsero en Riaño, desvelaron aspectos inéditos de historia natural.

El oso cantábrico (*Ursus arctos*) está catalogado como especie críticamente amenazada, debido a su mínimo tamaño poblacional: un núcleo occidental, centrado en Somiedo, Degaña y el Alto Sil, de un centenar de ejemplares, y otro relicto, de una veintena de individuos, habitante de los montes de la Liébana, Picos de Europa, Riaño y Fuentes Carrionas. Los planes de recuperación, realizados por las Comunidades Autónomas en sus territorios y por el Ministerio de Medio Ambiente en el Parque Nacional de los Picos de Europa, desde hace veinte años intentan mejorar su situación alarmante.

El 19 de octubre de 1999, la Comisión Nacional de Protección de la Naturaleza aprueba la estrategia para la conservación de este carnívoro amenazado. Sus líneas básicas contemplan: a) conservación de la especie (eliminación de la muerte de osos causada por personas, conservación del núcleo oriental y estudio de la viabilidad de un programa de conservación ex situ); b) manejo de los hábitat (restauración de tipos de hábitat y comunicación entre núcleos reproductores); c) investigación aplicada a la gestión (establecimiento de métodos tipo de seguimiento poblacional); d) educación y conciencia pública; e) participación pública; y, f) desarrollo rural, medida aplicable mediante Fondos Estructurales en el marco del Reglamento CE 1257/1999, con acciones de ganadería extensiva, mantenimiento de pastos de altura y plantación de terrenos con Fagáceas nativas, entre otras.

Una constatación interesante es comparar la conducta hacia el hombre del oso cantábrico y su congénere norteamericano el grizzly, subespecie (*Ursus arctos horribilis*) de mayor tamaño, pelaje canoso y garras largas y blanquecinas, no oscuras y

curvadas como las de nuestros osos, más arborícola, evolucionada en ambientes abiertos del límite de la taiga y la tundra. El oso pardo de la Cordillera Cantábrica lleva al menos una coevolución con el hombre pastor desde el Mesolítico, cinco milenios antes de la edad actual, y el grado de persecución que ha sufrido ha motivado la selección de animales retraídos, tímidos, no agresivos y cuidadosos en no enfrentarse al hombre del campo. En América del Norte, los amerindios consideraban al oso como animal sagrado, bípedo del que descendía nuestra estirpe. Al llegar los colonizadores, hace tres siglos, el oso grizzly sigue conservando su agresividad natural, sin adaptación a los nuevos usos, y continúa como animal salvaje, capaz de atacar a la persona que le molesta por acercarse demasiado, con una media de tres bajas fatales al año de hombres atacados por esta raza corpulenta. Tanto los pescadores de salmónidos como los campistas y excursionistas deben estar atentos a no interrumpir en la vecindad de un grizzly, en especial una hembra con sus crías. Recomendaciones de pasear dando voces o llevando cascabeles en el bajo del pantalón, o de salir pitando cuando pescas salmones si un grizzly aparece en la orilla, son habituales en las áreas oseras de Canadá y Estados Unidos.

En nuestra Facultad hemos colaborado a desvelar misterios de la historia natural de este escondidizo mamífero, mediante el programa de radiomarcaje que realizamos en colaboración con la Universidad de Tennessee, bajo la tutela de Tony Clevenger. Durante cuatro años seguimos los avatares de Salsero (**Fig.1**), un viejo macho capturado y liberado con emisor en la campa de La Salsa del bosque de Hormas, en Riaño.

La información obtenida permitió conocer el enorme dominio vital de un oso cantábrico, en este caso de 2.200 kilómetros cuadrados, casi la totalidad de la extensión de 2.500 kilómetros cuadrados ocupada en el núcleo oriental, detalle que asemeja a estos plantígrados con los residentes en ambientes pobres de taiga, en Siberia. Tal hecho se debe a la escasa calidad del hábitat, nada casual en una Montaña Cantábrica



Fig.1. Salsero con el collar emisor en una linde del hayedo del valle de Susiella.



cuyos bosques solo suponen la tercera parte del paisaje, con el resto ocupado por matorrales, pastizales y peñas.

Si a esto unimos la irregularidad de oferta alimentaria, el oso se ve en la obligación de moverse constantemente en busca de comida, sexo y refugio. Su vida es un milagro de frugalidad y dureza.

Las rutinas estacionales de comer se inician a finales de febrero cuando salen de la hibernación en los osiles. En primavera temprana dependen del pasto verde, recién brotado, que nace en las solanas del piornal y calveros de los robles, eso sí en terrenos con poca presencia de competidores herbívoros, sean ciervos, corzos, caballos o vacas.

En mayo, una vez que las gramíneas se enleñan, las plantas apetitosas son las Umbelíferas que forman los corredores de megaforbias en las orillas de arroyos y vallejitas húmedas, con especies como el pie de oso y otras que se parecen al perejil y al apio. Los excrementos, en vez del olor fétido de las boñigas del ganado, fruto de la fermentación gástrica o cecal, exhalan un aroma a mermelada y heno fresco y se reconocen por los fragmentos vegetales gruesos, sin la trituración típica de las reses domésticas. Llega el verano y, además de voltear piedras en busca de insectos y roedores, las frutas carnosas son la golosina perseguida, en junio las cerezas, en julio el carrasquillo y, en agosto, los arándanos y moras. A partir de septiembre es la montanera la clave del engorde previo a encuevar en la osera. Avellanas, bellotas, hayucos y castañas atraen al plantígrado, y en caso de penuria por la clásica vecería del arbolado de Quercíneas, son los frutos del rosal silvestre y de la manzana borde los engullidos.

En todo momento el oso cantábrico carroñea, a veces desenterrando cadáveres de ganado vacuno y equino enterrados por los pastores bajo piedras y ramaje. La persecución inmemorial ha motivado que la depredación del oso sea mínima, casi inexistente, por lo que no goza de la animadversión que provoca el lobo, azote de los rebaños en pastoreo libre. Es más, hay una opinión rural que clasifica a los osos cantábricos en dos estirpes: los mieleros y los hormigueros, según sus preferencias por colmenas u hormigas rojas. Por ello, los colmenares siempre han estado defendidos por cortines, círculos de paredes de piedra seca que impiden la entrada del animal a los panales.

Un momento delicado es el del apareamiento, entre mayo y agosto. Las hembras alcanzan la madurez transcurridos cinco o seis años de vida, y entran en celo cada dos o tres años y sólo en un lapso corto, de alrededor de una semana. Tal tesitura incita a los

machos a tremendas caminatas en busca de novia receptiva, como comprobamos con Salsero cuando, en una noche, se marchó desde los pinares de Riocamba, entre el Valderaduey y el Cea, cerca de Almanza, hasta los montes palentinos de Lores y Lebanza, en el alto Pisuerga, tras rodear las minas de carbón de Guardo y Velilla del Río Carrión mientras los perros de los chamizos ladraban amedrentados. Un recorrido en línea recta de unos 76 kilómetros, demostrativo de que el amor ursino cuesta feroz empeño.

A los pocos días, en Llánaves de la Reina, donde ahora quieren hacer la megaestación de esquí alpino de San Glorio, le vimos copular con una osa fina y rojiza, tras brutal pelea con otro macho, al que conocíamos con el nombre de Rubio, por su pelaje dorado.

Unos meses más tarde, en Brañosera (Palencia), Rubio terminó tiroteado y muerto por un cazador en una montería de jabalíes, teóricamente por haber disparado en defensa propia. Me llevé un disgusto terrible cuando fui al vertedero del pueblo a recoger el cadáver del oso, ya sin cráneo ni piel, en un revoltillo de basura, somieres desvencijados y cachivaches. La contemplación del cuerpo sanguinolento de aquel macho magnífico, cosido a postazos, fue uno de los momentos más penosos que he vivido en la Montaña Cantábrica.

Este rasgo de incivismo, de incultura, el de la muerte de osos por desaprensivos, sigue siendo un factor de amenaza muy preocupante. Por ejemplo, en el período entre 1980 y 1994, se conocieron 54 casos de osos muertos por causas antrópicas, de ellos la mitad por disparos de cazadores furtivos, otro 28% por muerte en lazos de acero y otro 8% por venenos. En este último caso, es común que el veneno ilegal se coloque en carroñas para acabar con lobos y zorros, pero el que cae frecuentemente es el plantígrado, buen rebuscador de carne muerta.

En el análisis de selección de hábitat que hemos hecho con los osos del núcleo oriental, sus preferencias van hacia el bosque frondoso de hayas y robles, a altitud moderada de 1.200 a 1.300 metros en bajos de ladera, siempre en zonas tranquilas distantes de pueblos y carreteras, habitualmente a más de 4,5 kilómetros de la aldea más cercana y a más de 3,9 kilómetros del vial más próximo. Solo el 1,2% del areal del núcleo oriental corresponde a zonas de hábitat óptimo de monte caducifolio a moderada altitud bien distante de asentamientos humanos y de la red viaria, detalle que explica los rasgos de elevada movilidad y extensos dominios vitales del oso pardo cantábrico.

Hay un momento de optimismo por lo que supone un oso como estandarte de calidad del ambiente montano, atractor de turismo de naturaleza y de ayudas agroambientales a la población rural. El oso Yogui es ahora el símbolo del Principado de Asturias en sus campañas de promoción de turismo, ya que el plantígrado yanqui ha preferido no sólo venir a residir en montes más abrigados que los de Yellowstone, sino que se ha cansado de las hamburguesas, los perritos calientes y el ketchup y se ha pasado a la fabada, a las almejas, la sidrita y el arroz con leche. En el Parque Natural de Somiedo, pueblos como Pola de Somiedo y Villar de Vildas mantienen un crecimiento de servicios y visitantes por hallarse en el corazón de una zona osera con oferta de paisaje montaños de alta calidad.

Eso sí, el visitante debe hacerse a la idea de que las zonas más querenciosas, las áreas críticas por su significado de refugio y lugar de alimentación, mantienen normas de acceso restringidas excepto a los usuarios locales que llevan su ganado o recogen leña.

Deben cambiar su idea de intentar ver directamente a un oso y conformarse con detalles más sutiles: la contemplación de su huella plantígrada en un sendero, la localización de un árbol descortezado para alimentarse con la savia dulce del cambium, el hallazgo de un mechón de pelos que se retuercen sin la rigidez de las crines en una alambrada y sentir el hálito libre de unas hojas de haya rojizas por el otoño que se agitan al aire del norte.

La extinción del oso pardo en los Pirineos y en la Montaña Cantábrica sería una noticia nefasta para las cordilleras frescas del norte ibérico, pero con un enfoque mundial, el oso pardo está muy lejos de una situación crítica. En América del Norte los grizzly y kodiak (subespecies *horribilis* y *middendorfi*) habitan desde Alaska hasta Yellowstone con efectivos estimados en unos 68.000 ejemplares. El oso pardo euroasiático (raza *arctos*) ocupa continuamente el bosque boreal desde Escandinavia a Kamchatka y sus poblaciones meridionales más relictas alcanzan las montañas de la India (Cachemira) y los desiertos fríos de los altiplanos del Tibet. Unos 120.000 osos pardos pueblan Eurasia, con 44.000 de ellos afincados en Europa: 33.000 en Rusia, al oeste de los Urales, 6.000 en Rumanía y 2.000 en Serbia, Bosnia y Croacia.

La gestión actual es pésima para el oso cantábrico, al menos en la afección negativa de pérdida de calidad del hábitat, motivada por nuevos viales forestales para favorecer la caza mayor de tipo cómodo, con acceso en vehículos a las zonas altas

donde se hallan los roquedos con rebecos, los mejores corzos y los puntos de berrea del ciervo.

Esperemos que la vitalidad de la especie, a pesar de su típica baja reproducción, apoyada en una larga vida, pues un plantígrado puede llegar a los 30 años de edad, rinda el resultado de seguir contando con su presencia recoleta en los valles más solitarios y bravíos de la Cordillera Cantábrica. ¡Larga vida, amigo oso, Señor de la Montaña!



Francisco J. Purroy es Catedrático de Zoología del Departamento de Biodiversidad y Gestión Ambiental, investiga la conservación de vertebrados amenazados. Premio de conservación Francisco Bernis, concedido por SEO/BirdLife en 2006. Militancia ecologista llevada con aguante a pesar de su apodo de Talibán de la Naturaleza.

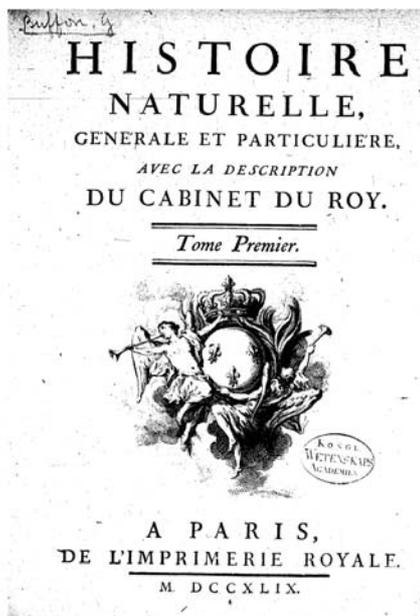
UNO DE LOS NUESTROS

BUFFON, en el tercer centenario de su nacimiento

(7-IX-1707 / 16-IV-1788)

Juan Manuel Nieto Nafría

Decir "Buffon" entre los naturalistas, los historiadores de la Ciencia o los bibliófilos ha sido (no estoy seguro de que lo siga siendo) mencionar a alguien de la familia, bien conocido y célebre en lo bueno. La vida de Georges-Louis Leclerc, conde de Buffon, es una muestra de ímpetu, de esfuerzo, de actividad polifacética y prolífica, y pese a ello bastante bien dirigida y con consecuencias muy importantes en el avance de la Ciencia, pese a algunos errores de bulto y a algunos planteamientos deficientes. Valgan las líneas que siguen para acercar a los biólogos y ambientalistas de hoy en día la figura de este francés hasta la médula que es una de las glorias de la Ciencia mundial.



Portada del tomo primero del Buffon

La “*Histoire Naturelle, générale et particulière, avec la description du cabinet du Roi*”, es uno de los hitos de los tratados de Historia Natural y su autor Georges-Louis Leclerc de Buffon uno de los padres fundadores de la Zoología moderna.

La *Histoire Naturelle*, el Buffon, es una obra en 36 volúmenes, publicados entre 1749 (los tres primeros) y 1788; más otros cinco póstumos, dados a la imprenta por Lacépède. Gracias al esfuerzo del *Conseille National de la Recherche Scientifique* de Francia hoy es posible leer con comodidad todos los tomos en la web www.buffon.cnrs.fr, si bien también pueden leerse en su formato original en gallica.bnf.fr de la Biblioteca Nacional de Francia.

Los volúmenes publicados no cubren más que una parte del plan inicial de escribir un tratado sobre los tres reinos de la naturaleza (en palabras de la época), y muestran una ordenación sorprendente a nuestros ojos del siglo XXI.



El contenido de los tres primeros puede ser considerado una presentación de la obra, pero también parece una curiosa miscelánea. Los volúmenes 4 a 15 están dedicados a los “cuadrúpedos”, los nueve siguientes a las aves y otros cinco a los minerales. Los que llevan los números 30 a 36 son los *Suppléments*, con adiciones y “noticias” varias. De los tomos de Lacépède, uno está dedicado a cetáceos, serpientes y cuadrúpedos ovíparos y tres a los peces.

De los tres primeros volúmenes merece la pena destacar el “discurso” *Teoría de la Tierra*, y los capítulos dedicados a las generalidades sobre los seres vivos. En el discurso sobre la formación e historia de la Tierra hay gran cantidad de ideas escandalosas para la época y curiosamente precursoras, por ejemplo que las rocas calcáreas se han formado por depósito en los fondos marinos, o que los continentes actuales se han desgajado de un único continente, llevando con ellos a los seres vivos que los poblaban, de forma que sus descendientes se encuentran en distintas partes del mundo.

El orden expositivo de los tomos dedicados a cuadrúpedos y aves es chocante para lo que el lector de hoy en día espera de un tratado científico, pues es más parecido al de una obra de divulgación –baste decir que el tomo IV comienza con los animales domésticos y más en concreto con el caballo–, pero es que Buffon consideraba que había que comenzar exponiendo lo mejor conocido, lo más familiar, lo relativamente cercano aunque diferente.

Pero aún nos sorprende más el estilo recargado, aunque propio de la época, la mezcla de datos científicos con aportaciones de otros tipos, la falta de un uso estable de qué entender por *especie*, la falta de un sistema jerárquico de clasificación, la denominación de los animales en francés –con nombres a veces concretos a veces genéricos–, sin seguir el sistema binominal linneano para las especies y sin utilizar los nombres de los géneros que ya había implantado Linnaeus. En esto ciertamente no estuvo acertado, aunque el conjunto de su actividad científica merece una calificación muy sobresaliente.



Figura 1. *Georges-Louis Leclerc conde de Buffon, por François-Hubert Drouais (1727-1775), Museo Buffon de Montbard.*

Georges-Louis Leclerc nació el 7 de septiembre de 1707 en Montbard –en Borgoña, a unos 230 km de París y a 5 km de Buffon, un villorrio y al tiempo un señorío que su padre había comprado en 1717 y después vendido, y que él adquirió en 1733–. Fue el primogénito de Benjamin-François Leclerc, quien desempeñaba el cargo de *Président du grenier à sel* –el funcionario responsable del cobro de la *gabelle*, el impuesto que gravaba la sal– y su mujer Anne-Chistine, nacida Marlin.

En 1717 la familia se trasladó a Dijon, la capital de la provincia. Estudió en el colegio de los Jesuitas, interesándose especialmente por las matemáticas y la física, y después cursó derecho en la Universidad de Dijon, licenciándose en 1726. En 1729 comenzó a firmar como Leclerc de Buffon.

En 1732 se instaló en París con intención de hacer carrera científica en la Academia de Ciencias, institución que estaba bajo la autoridad directa del rey y que le podía permitir un trabajo más acorde con sus ideas que el que hubiera podido desarrollar en la Sorbona. Al poco, preparó un informe sobre la resistencia de las diferentes maderas para el ministro de Marina, que lo había solicitado años atrás a la Academia. En 1734 ingresó en la Academia de Ciencias, y Luis XV le nombró *Adjoint-Mécanicien*, y comenzó a firmar Buffon simplemente; forma de hacer refrendada por el propio Luis XVI al otorgarle el título de conde con ese nombre en 1773.

A comienzos de 1739 pasó de la sección de Mecánica a la de Botánica y el 25 de julio de ese año el rey le nombró Intendente del *Jardin du roi*, del que dependía también el *Cabinet d'Historie naturelle du roi*. Buffon agrandó sus instalaciones e incrementó sus colecciones de forma espectacular, dando lugar al actual *Muséum national d'Historie naturelle* de Francia, una de las más prestigiosas instituciones europeas dedicadas al estudio de la biodiversidad de los organismos (**Figs. 2 y 3**).



Figura 2. Vista parcial del Jardin des Plantes en la actualidad. Al fondo la Galerie de l'Evolution, uno de los edificios del Muséum, y un poco por delante la estatua de Buffon, sentado mirando a la Galería (ver la otra ilustración).



Figura 3. Estatua de Buffon, en el Jardin des Plantes.

Hombre polifacético, siguió investigando sobre las propiedades de la madera, escribió de mecánica, de física de la luz y de los colores, tradujo obras de Newton y de otros autores, escribió sobre la formación de la Tierra y de otros planetas, investigó sobre los minerales, sobre anatomía animal, sobre la forma de reproducción de los organismos, sobre su nutrición, sobre las costumbres de mamíferos y aves –estableció la existencia de cadenas tróficas y supo de la dispersión de semillas por algunas aves–, dio a conocer la existencia de los pólipos, escribió sobre la diversidad racial humana, debatió con otros científicos y muy en especial con las autoridades universitarias de la Sorbona, que no vieron con buenos ojos muchos de sus escritos.

Y con todo, tuvo tiempo para las tareas de gestión a la que estaba obligado por sus cargos y las propias de sus bienes –inició la explotación de una cantera de mármol cerca de Montbard, que tuvo que cerrar al poco, y puso en marcha una ferrería, en la que llegaron a trabajar varios cientos de personas y que hoy es una de las atracciones turísticas de la zona–, y también para cuidar las relaciones con personas importantes de la corte y de la alta sociedad de Dijon.

Se casó ya cuarentón, en 1752, con Marie-Françoise de Saint-Belin-Malain, de 20 años, de familia noble pero arruinada, a la que sacó del convento de las Ursulinas que regía una de sus hermanas.

Buffon murió en Montbard el 16 de abril de 1788. Le había precedido su mujer, en 1769 a consecuencia de una caída de caballo y la primogénita del matrimonio, fallecida tempranamente. Su único hijo, Georges-Louis-Marie –conocido como Buffonet–, murió guillotinado en 1794 durante el Terror, sin descendencia, y con él se extinguió la estirpe de los Leclerc de Buffon, aunque un bastardo de la esposa de Buffonet siguió utilizando el apellido.



Juan Manuel Nieto Nafría es licenciado y doctor en Ciencias (Sección de Biológicas) por la Universidad de Salamanca, y profesor de la Universidad de León desde hace casi 30 años, pues se incorporó a la entonces Facultad de Biología de León de la Universidad de Oviedo en 1977, como Profesor Agregado de Zoología (Artrópodos), pasando a catedrático de universidad de Zoología en 1981. En la actualidad es director del Departamento de Biodiversidad y Gestión Ambiental de la Universidad de León, y anteriormente desempeñó los cargos de Director del extinto departamento de Biología Animal,

Secretario de la facultad de Biología, Decano de la facultad de Biología, Secretario General de la Universidad, Vicepresidente –para la investigación– de la Comisión Gestora, y Rector (en el cuatrienio 1986-1990).

Su investigación está centrada en la taxonomía, bionomía y faunística de los pulgones, de España, y también de Argentina, Bélgica y Chile. De sus publicaciones de investigación destacan los tres volúmenes dedicados a ese grupo de insectos en la serie Fauna Ibérica. Ha descrito 4 nuevos géneros y una treintena de nuevas especies. Es además uno de los autores de la Part of available family group taxa names of Aphididae. Ha sido el Coordinador de Aphidoidea en el proyecto Fauna Europaea. Ha participado activamente en los congresos ibéricos de Entomología y en los simposios internacionales de Afidología, organizando el primero (en León) y décimo (en Zamora) de aquéllos, y el quinto de éstos (en León también). Socio fundador de la Asociación Española de Entomología y su primer secretario y director del Boletín de la AeE. Participó en la gestación de la Asociación de Licenciados en Biología de España y años después en la del Colegio Oficial de Biólogos.

MI PROYECTO DE TESIS

Ecología trófica de los peces en lagunas someras y su efecto sobre el epifiton de las plantas

Saúl Blanco Lanza

Área de Ecología. Departamento de Biodiversidad y Gestión Ambiental. Facultad de Ciencias Biológicas y Ambientales. Universidad de León. 24071. León.

degsbl@unileon.es

La investigación llevada a cabo ha puesto de manifiesto la relevancia de la gestión de las comunidades piscícolas en la conservación de los lagos someros. Para ello se efectuaron tanto análisis experimentales como estudios de campo en diversos lagos localizados en León y en la Comunidad Valenciana, a fin de establecer la relación entre la estructura de la comunidad de peces y el estado de la calidad ambiental de cada sistema. La hipótesis de partida es que en estos lagos, en los que no existen grandes depredadores, el crecimiento excesivo de las poblaciones de peces hace que sus presas – zooplancton y pequeños invertebrados- no sean muy abundantes y sean incapaces a su vez de controlar el desarrollo masivo de las algas del fitoplancton y de las que viven sobre las plantas acuáticas, lo que conduce al lago a un estado casi irreversible de alta turbidez y a la desaparición de la vegetación sumergida.

Así, se realizaron dos experimentos en los lagos Sentiz (León) y Xeresa (Valencia) para estudiar la ecología de sendas especies de peces, una de ellas endémica de la Península Ibérica -la bermejuela (*Chondrostoma arcasii*)- y otra introducida a mediados del siglo XX –la gambusia (*Gambusia holbrooki*). Se evaluó cómo se altera el comportamiento alimenticio de estas especies a medida que aumenta la concentración de nutrientes (fosfatos y nitratos) y la densidad poblacional, analizando el contenido digestivo de varios ejemplares. Los resultados mostraron para ambas especies una dieta generalista, con un mayor consumo de zooplancton a medida que aumenta la concentración de nutrientes. Las bermejuelas mostraron una clara preferencia por las especies de zooplancton de gran tamaño, como la pulga de agua *Daphnia*, lo que provocó un cambio notable en la comunidad planctónica hacia una preponderancia en ella de los grupos rechazados, especies en general más pequeñas, que son menos eficaces en el control del crecimiento algal. Estos estudios experimentales se completaron con análisis de la comunidad piscícola y de los patrones dietarios en varias



lagunas costeras mediterráneas, en las que se observaron grandes fluctuaciones interanuales en la composición específica, así como variaciones en el espectro alimenticio de las especies de peces halladas, en función de las condiciones ambientales y de la comunidad de presas disponible. Al tratarse de lagos generalmente conectados entre sí y con el mar, es posible un reemplazamiento de las poblaciones y una optimización en el uso de los recursos tróficos a lo largo del año. En los muestreos biológicos efectuados también se puso de manifiesto la presencia de varias especies exóticas como el pez sol (*Lepomis gibbosus*) o el “black-bass” (*Micropterus salmoides*). El lago de la Albufera de Valencia fue objeto de un estudio especial, en el que se analizó la evolución de la fauna de peces y de la actividad pesquera durante el último siglo. Los datos facilitados por las comunidades de pescadores muestran que en este periodo han desaparecido más de la mitad de las especies, mientras que el número de especies exóticas se ha multiplicado por cuatro. Las principales capturas tradicionales (anguilas y lubinas) se consideran hoy esporádicas, siendo las carpas y los mágiles prácticamente las únicas especies presentes en la actualidad en el lago. Estos cambios se asocian a la degradación ambiental sufrida por este ecosistema, particularmente a la entrada de fertilizantes agrícolas y a la desaparición de la vegetación sumergida a partir de mediados del siglo XX.

Esta tesis se basa en las siguientes publicaciones:

- Blanco, S., Romo, S., Villena, M.J., Martínez, S. 2003. Fish communities and food web interactions in some shallow Mediterranean lakes. *Hydrobiol.* 506: 473-480
- Blanco, S., Romo, S., Villena, M.J. 2004. Experimental study on the diet of mosquitofish (*Gambusia holbrooki*) under different ecological conditions in a shallow lake. *Int Rev Hydrobiol* 89: 250-262
- Blanco, S., Romo, S. 2006. Ictiofauna del lago de la Albufera de Valencia: evolución histórica y situación actual. *Bol R. Soc. Esp. Hist. Nat. Secc. Biol.* 101: 45-56
- Blanco, S., Bécares, E., Fernández-Aláez, M. 2006. Efficiency of top-down control depends on nutrient concentration in a shallow lake: a mesocosm study. *J. Plankton Res.* Enviado.
- Blanco, S., Bécares, E., Fernández-Aláez, M. 2006. Response of epiphytic algae to nutrient loading and fish density in a shallow lake: a mesocosm experiment. *Hydrobiologia.* Enviado.

Codirigida por:

Dra. Margarita Fernández Aláez, del Departamento de Biodiversidad y Gestión Ambiental de la Universidad de León.

Dra. Susana Romo Pérez, del Departamento de Ecología y Microbiología de la Universidad de Valencia.

Fecha de defensa: 12 de julio de 2007

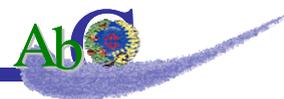
Galería de fotos



Mesocosmos utilizados durante el trabajo experimental en la laguna Sentiz (León).



El autor de la tesis doctoral Dr. Saúl Blanco



AMBIÓLOGOS DE AQUÍ

Desde el lejano Oeste Zamorano

Víctor Casas del Corral

Fundador de la empresa Iniciativas de Desarrollo Rural Integrado S.L., con sede en Fornillos de Fermoselle (Zamora)

I. Empecé la carrera de Biología en 1985 con gran ilusión. Hasta donde me llega la memoria siempre me han gustado (¡apasionado!) los animales. Estar con animales y dibujarlos con el boli Bic azul en los pliegos de papel de periódico que mi padre me traía del trabajo. Como a muchos compañeros de mi edad, me influyó mucho Félix Rodríguez de la Fuente. Lo recuerdo como si fuera ahora, y tendría 5 ó 6 años: estaba enfermo y sólo me dejaría poner la inyección a cambio de una revista que estaba en el kiosco, con la foto de una cebra en la portada. Era la enciclopedia coleccionable Fauna y así comenzó una tremenda fijación con sus tomos, que me llevaron por todos los continentes: 1, 2 y 3 África, 4, 5 y 6 Eurasia y Norteamérica, 7 Asia Tropical, 8 Sudamérica... De todos ellos, se ve que como eran los primeros, recuerdo más los de África: licaones estudiados por el Barón Hugo van Lawick, Gacelas de Thomson y Grant, alcefalos, damaliscos y facoceros, la violenta cópula de los leones, los pobres ñus con cara de pena, el cráter del Gnorongoro... Por esa época, unas tías abuelas de Burgos me regalaron “El Libro de las Aves de España”, de Selecciones del Reader’s Digest, con sus magníficos dibujos, que también me marcó mucho. Pasé bastantes años en el campo, en compañía de la bici y el perro, y armado con unos prismáticos -que no sé de dónde salieron- tras de los pájaros, sin poder contar a nadie que había visto un alcaudón real, un águila calzada o un mochuelo...

II. También me gustaba mucho de pequeño la compañía de pastores, ovejas y mastines, las vacas lentas del carro y los pajares donde criaban las golondrinas. Pero en los últimos dos años de la carrera fue cuando me interesé de verdad por las relaciones entre la población rural y el lugar donde viven, en diferentes ámbitos: charcas ganaderas pobladas por tritones y gallipatos, las sebes y sus comunidades de plantas y animales, razas de ganado autóctono conservadoras de pastizales diversos, molinos y demás construcciones de piedra y madera. No encontré demasiados profesores de la facultad que trabajaran en estos aspectos, pero sí un grupo de buenos amigos con los que recorrer los pueblos más perdidos de la provincia de León, fascinados por lo que descubrimos se

llamaba ecología humana. En aquella época me influyeron mucho las publicaciones de Fernando González Bernáldez, de Miguel Ángel García-Dory (los dos fallecidos prematuramente) y de Carlos M. Herrera. Bueno, la carrera se acabó, yo quería hacer la tesis sobre biodiversidad y fragmentación de bosques, pero no tenía con quién. Al final, pedí la beca de doctorado con Alfredo Salvador, en el Museo de Ciencias Naturales de Madrid, sobre el tema: “¿Para qué le sirve la cola a la lagartija colilarga?” Fue un mal año para la lírica y nadie de la promoción pudo hacer la tesis con un sueldín del Ministerio. Ese año colaboré con José Carlos Pena y Benito Fuertes en el inventario de las poblaciones de trucha en los ríos amenazados por los embalses de Omaña y Vidrieros. Gracias a la mitosis y a las dotes docentes de Emilio de la Calzada, que aprobó la oposición de secundaria, empecé a trabajar en la Federación de Caza de Navarra en gestión cinegética, y así estuve casi dos años contando ciervos, liebres y perdices, dando charlas, haciendo informes y planes de caza. ¡Qué bien funcionaba ya lo del Medio Ambiente en aquellas tierras!

III. Pero la llamada del pueblo seguía, y con la excusa de la prestación social dejé el trabajo para montar algo donde poder divulgar y conservar un poco las riquezas rurales. La idea surgió delante de un café y junto a mi novia un domingo pamplonica; el lugar elegido fue Fornillos de Fermoselle, en Zamora, donde había estado de acampada con un grupo de clase en 1988, disfrutando de sus vecinos, de los cortados de granito y de las cigüeñas negras y los alimoches. El antiguo bar-tienda “La Iris” se convirtió en “La Casa de los Arribes”. Allí cientos de niños aprendieron a hacer pan, a montar en burra, a distinguir las partes de los muros de piedra: cincones, tijeras y pelgones, el valor de la madera de negrillo y el de las fuentes. Mucho esfuerzo variado, desde organizar campos de trabajo hasta preparar cenas de empresa: costó sacar adelante esta idea peregrina de enseñar cosas de los pueblos en uno perdido de la olvidada Zamora. Mercedes Sánchez y un servidor lo conseguimos gracias al vecindario y a los amigos, que nos ayudaron a demoler tejados, hacer gallineros, pintar muebles o pelar patatas.

Entonces descubrí la interpretación del patrimonio – junto a Mercedes, Andrés Calderón, Olga Borrego y Javier Martínez, y leyendo a Jorge Morales – y me encantaron sus posibilidades creativas, su combinación de ciencia y arte. Desde 1995 empecé a impartir cursos de interpretación y de educación ambiental con el magnífico

equipo de GEA Soc. Coop. En el año 2002 nació el Parque Natural de Arribes del Duero, llegó Ana Martínez a la dirección y también presupuesto para financiar algunos proyectos. La interpretación del patrimonio trajo al uso público en espacios naturales, con su caudal de posibilidades para organizar y conservar recursos ambientales y culturales, y así demostrar que anfibios, árboles, ovejas y molinos son cada vez más importantes en la alocada sociedad del siglo XXI. En estos momentos, junto a un equipo variado de amigos, trabajo en diferentes proyectos, unidos por el objetivo común de comunicar, emocionar y conservar: un ecomuseo del agua en una vieja fábrica de harinas de Moral de Sayago; una instalación de vídeo en Monleras, Salamanca, en otro viejo edificio, para mostrar cómo percibimos y expresamos el medio que nos mantiene; un sendero interpretativo en un bosque maravilloso de Sanabria; un libro sobre las posibilidades de la arquitectura popular para la interpretación y el uso público; otro sobre el GR-14 a su paso por la provincia de Zamora. En fin, muchas cosas a la vez. Ya sabéis que los biólogos servimos para todo tipo de trabajos.



Víctor Casas del Corral es Licenciado en Biología por la Universidad de León (1985-1990). Fundador en 1993 de la empresa Iniciativas de Desarrollo Rural Integrado S.L., con sede en Fornillos de Fermoselle (Zamora), Parque Natural de Arribes del Duero, desde la que desarrolla proyectos de interpretación del patrimonio, educación ambiental, ecoturismo y uso público en espacios naturales.



NOTICIAS DE ACTUALIDAD

NUESTRA FACULTAD HA ACOGIDO EN LOS ÚLTIMOS MESES DOS REUNIONES INTERNACIONALES DE BOTÁNICOS.

Entre los días 4 y 7 de Julio se celebró el **VIII Coloquio Internacional De Botánica Pirenaico-Cantábrica**. Estos Coloquios tuvieron su principio en la reunión de botánicos celebrada en La Cabanasse y se han mantenido, a la vez que han ido alternando el lugar de celebración entre los Pirineos y la Cordillera Cantábrica, por una parte, y España y Francia por otra.

Las ponencias orales se estructuraron en torno a las secciones: 1.- Taxonomía y Florística. 2.- Biogeografía, Fitosociología y Cartografía de Vegetación. 3.- Gestión y Conservación de flora, vegetación y territorio. 4.- Criptogamia, Palinología, y Recursos Vegetales. El congreso acogió dos conferencias plenarias a cargo de los Prof. Dr. Salvador Rivas Martínez y Prof. Luis Villar Pérez e incluyó una jornada de campo dedicada a la observación de la flora y la vegetación de la Cordillera Cantábrica.

Durante la reunión se homenajeó al Dr. D. Pedro Montserrat, tanto por sus estudios sobre la flora y vegetación de ambas cadenas montañosas, como por ser el botánico español de mayor edad en activo. Al final de la conferencia se le ofreció a D. Pedro Montserrat una placa conmemorativa.

Por otra parte, el Área de Botánica del Dpto. de Biodiversidad y Gestión Ambiental de la Universidad de León, organizó el **XVI Simposio de Botánica Criptogámica** cuya celebración se llevó a cabo durante los días 19 a 22 de septiembre de 2007.

El simposio se estructuró en base a la impartición de una serie de conferencias plenarias a cargo de investigadores de diversas nacionalidades. Además, se presentaron un total de 145 comunicaciones sobre briología, ficología, liquenología, micología y pteridología. La última de las jornadas del simposio (día 22 de septiembre) se dedicó íntegramente para realizar un recorrido y estudio de campo por los territorios del Parque Nacional de Picos de Europa.

Toda la información referida a este acontecimiento se encuentra disponible en:

<http://www3.unileon.es/dp/dbv/SBC2007/index.htm>

**EN MARCHA EL IX FORO SOBRE DESARROLLO Y MEDIOAMBIENTE 07-08.**

Desde el pasado día 29 de Octubre y hasta el día 3 de Abril de 2008 estará abierto el **IX Foro sobre desarrollo y medioambiente**. En esta ocasión el foro estará dedicado al desarrollo sostenible en sus aspectos de divulgación y evaluación. El foro está organizado en un total de 17 conferencias a desarrollar entre los meses de octubre y abril en las sedes de León y Ponferrada. Para más información visitar la página web:

<http://www.cajaespana.es/obs/cultura/conferenciasforos/conferencias/listaactividad/es/viiicambioclimatico.jsp>

DURANTE LOS DÍAS 19 y 20 DE SEPTIEMBRE SE CELEBRÓ EL TALLER DE SENSIBILIZACIÓN AMBIENTAL: BUENAS PRÁCTICAS EN CONTAMINACIÓN AMBIENTAL Y SOSTENIBILIDAD ENERGÉTICA.

El objetivo del taller impartido por **Dña. María Rosario Felipe Lucía**, ha sido informar y sensibilizar a la comunidad universitaria sobre diversos aspectos como: indicadores para la evaluación de la contaminación ambiental en el entorno universitario; efectos de la contaminación ambiental sobre la salud de la comunidad universitaria; influencia y responsabilidad de las acciones individuales y colectivas sobre el medio ambiente en relación con la contaminación ambiental y planes de acción para reducir el impacto ambiental de los diferentes contaminantes en el entorno universitario.

SE CIERRA UN NUEVO CICLO DE CONFERENCIAS FORMATIVAS.

Peligrosidad y riesgo volcánico. Dra. Francisca Gómez Fernández. Licenciada en Ciencias Geológicas, Jefa del Área de Riesgos Naturales y Medio Ambiente COTESA.

Deslizamientos rotacionales en la Cuenca del Duero. Dr. Mariano Yenes Ortega. Licenciado en Ciencias Geológicas. Universidad de Salamanca.

La Cartografía de Peligrosidad de Inundaciones y su Integración en la Ordenación del Territorio. Dr. Andrés Díez Herrero. Licenciado en Ciencias Geológicas. Investigador de la Unidad de Recursos Minerales, Riesgos Geológicos y Geoambiente del Instituto Geológico y Minero de España.

Los impactos del Cambio Climático en Europa a la luz del IV informe del IPCC. D. José Manuel Moreno Rodríguez. Catedrático de Ecología. Director del Departamento de Ciencias Ambientales. Universidad de Castilla-La Mancha.



Biología y Genética Molecular del Cáncer. D. Eugenio Santos de Dios. Director del Centro de Investigación del Cáncer. Universidad de Salamanca.

Patología y causas de muerte de los cetáceos varados. D. Antonio Fernández Rodríguez. Catedrático de Anatomía patológica. Facultad de Veterinaria. Universidad de las Palmas. Presidente del Grupo de varamientos inusuales de la Comisión Ballenera Internacional.

ALUMNOS DE BIOTECNOLOGÍA PARTICIPARON EN LA 1ª INTERNATIONAL LIFE SCIENCES STUDENTS' CONFERENCE REPRESENTANDO A NUESTRA FACULTAD.

Los alumnos **Diego Balboa Alonso, Carmen Herrera Hidalgo, Rubén Moreno Gutiérrez, Elena Senís Herrero** (3º Biotecnología) y **Marcos José Fernández Fernández** (4º de Biotecnología) han participado en la **1ª Conferencia Internacional de Estudiantes de BioCiencias** celebrada en **Liubliana (Eslovenia)** entre los días **7 y 11 de noviembre de 2007**.

La Conferencia fue organizada por la “**Student’s Society for Promotion of Life Sciences**” de la Facultad de Biotecnología de la Universidad de Liubliana. A juzgar por el número de participantes, 106 de diversas universidades europeas, la conferencia ha sido un éxito en lo que respecta a poder de convocatoria. Nos consta que también lo fue en su contenido. Se presentaron ponencias orales sobre un amplio espectro de disciplinas: bioquímica, microbiología, biología molecular, celular y del desarrollo, ecología, antropología, biodiversidad, conservación, paisajismo, etc. Todas con un objetivo común, tal como explica el decano de la Facultad organizadora en su carta de presentación: “El intercambio de conocimientos e ideas ayuda a escoger la vía correcta hacia la excelencia”.

Nuestros compañeros de Facultad presentaron resultados científicos de los campos de: **biología molecular del proceso de diferenciación celular** (Elena Senís y Diego Balboa), **terapia del cáncer mediante inhibición de la angiogénesis** (Rubén Moreno), **estudio de la plasticidad estructural de pared celular primaria de plantas** (Carmen Herrera) y **detección y mapeo de genes de importancia económica en ganado ovino** (Marcos J. Fernández). Las ponencias presentadas por Marcos J. Fernández y Elena Senís recibieron, respectivamente, el primer y segundo premio en las secciones a las que concurrieron. A ellos en particular, y al resto de participantes en extenso, nuestra más sincera enhorabuena.

Si tienes alguna sugerencia o quieres enviarnos tus artículos, tu proyecto de tesis o alguna fotografía para la portada, ponte en contacto con nosotros:

ambiociencias@unileon.es

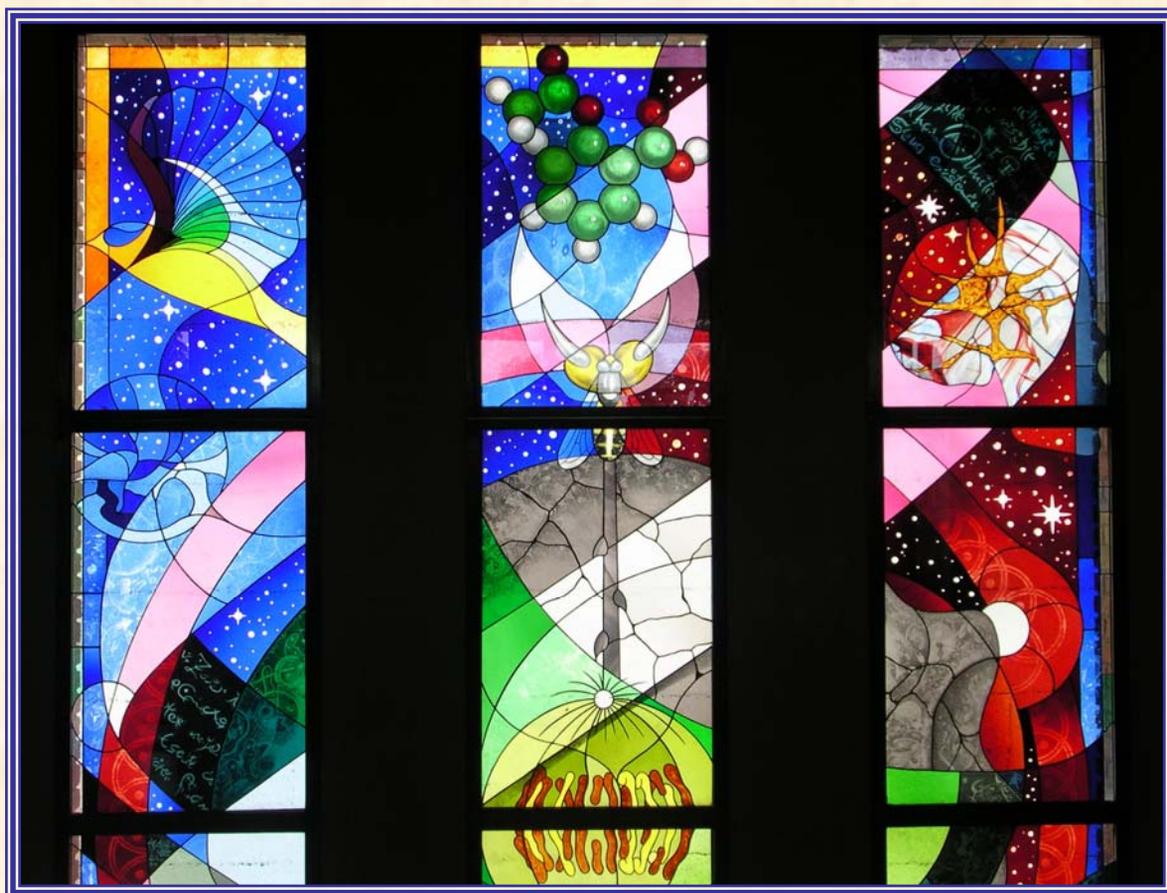
Las normas de publicación están disponibles en el nº 0.

La edición electrónica de la revista se puede consultar en:

<http://www3.unileon.es/revistas/uleaci>



En contraportada: Las vidrieras de nuestra Facultad convierten en luz, color e imagen la diversidad de seres vivos y evocan artísticamente la fusión de conocimientos, enfoques y disciplinas que se hacen realidad en sus aulas y laboratorios.



★ 1968 ★



★ 2007 ★