



BOLETÍN DE • LA SOCIEDAD ESPAÑOLA DE GENÉTICA

NUMERO 13 • ABRIL 1999

ÍNDICE

- Editorial
- Nueva junta Directiva de la SEG
- Comentarios de Ciencia
- Resistencias genéticas para una plaga: El virus del rizado amarillo del tomate (TYLCV) Eduardo R. Bejarano
- Presentamos a... Málaga
- Bloc de Notas
- Libros y audiovisuales
- Bolsas de viaje

Comité Editor

José Ignacio Cubero Salmerón
(Presidente de la SEG)
José Pío Beltrán Porter
(Vicepresidente)
Antonio Martín Muñoz (Secretario)
Conchita Romero Martínez
(Tesorera)
José María Carrillo
Alberto Ferrús Gamero
Jordi García Fernández
Juan Jiménez Martínez
Fina Méndez Felpeto
José Luis Micol Molina

Director Editorial

Juan Jiménez Martínez

Edita



UNIVERSIDAD DE EXTREMADURA
Depósito Legal: BA 274-1992
I.S.S.N.: 1133-133 X
Imprime: Tecnigraf, S.A.

EDITORIAL

José Ignacio Cubero Salmerón
Presidente de la SEG

Celebremos el fin de siglo en 1999 o en el 2000, lo cierto es que la página del almanaque secular está a punto de pasar. Las recapitulaciones sobre lo que ha sido este nuestro siglo comenzaron tiempo atrás y seguirán durante algunos años más hasta aburrirnos, y no es el propósito de estas líneas repetir nada de lo dicho ni indagar en lo que se dirá. Baste con aceptar algo que parece no tener discusión: que uno de los hechos clave en el siglo XX ha sido el desarrollo de la Genética en cualquiera de sus facetas.

Ese desarrollo no ha consistido sólo en su propia formación como Ciencia, tanto básica como aplicada, sino en la creación de un poderoso instrumento de trabajo útil a disciplinas bien variadas, tanto dentro del campo biológico, como Medicina, Bioquímica, Microbiología, Botánica o Zoología, por no citar más que unas cuantas, como fuera de él, como son la Sociología y el mismo Derecho; díganlo si no los jueces que han de vérselas con problemas de paternidad o de derechos de patente de organismos vivos. En todos los casos, la Genética ha ofrecido conocimientos básicos y aplicados, técnicas y soluciones.

El análisis genético ha dado fértiles resultados y aún los seguirá dando por mucho tiempo. Se oye decir de vez en cuando que "ya pasó su momento", pero no se explica el porqué. Como si todo

acabara en conocerla secuencia del genoma humano, o de cualquier genoma, cuando ahí no se acaba más que una larga serie de operaciones de laboratorio que iniciarán un nuevo problema genético: como si una lectura simplemente bioquímica llevara directamente hasta el fenotipo.

Uno de los hechos clave en el siglo XX ha sido el desarrollo de la Genética

Sigue habiendo quien piensa que la Naturaleza no es más que un libro, en el que todo está escrito, que el investigador va abriendo página a página desvelando unos secretos que tienen fin: el de cada capítulo o el de la obra completa. En realidad no parece haber fin; es como si las páginas se fueran escribiendo a medida que se progresa en la lectura.

Y así es como la Genética ha hecho surgir nuevos problemas. El siglo XX se inició con una apertura masiva de puertas originada por las leyes de Mendel; se cierra con una situación análoga, pero de mayor significación si cabe, en los que la actividad del genético o genetista (no nos hemos puesto de acuerdo

en esto, pero la realidad es que no importa mucho) está directa o indirectamente presente: los organismos transgénicos originada por las leyes de Mendel; se cierra con una situación análoga, pero de mayor significación si cabe, en los que la actividad del genético o genetista (no nos hemos puesto de acuerdo en esto, pero la realidad es que no importa mucho) está directa o indirectamente presente: los organismos transgénicos, la "cirugía genética", la fecundación *in vitro*, la clonación, la definición del origen y del fin de la vida (puede leerse aborto y eutanasia), etc. No sólo son problemas técnicos sino legales y morales que hay que tratar de resolver, si es que tienen solución. Todas ellas son cuestiones que hacen pensar al Hombre sobre sí mismo y que, por tanto, van más allá de una simple lectura técnica dentro de una cierta disciplina, cualquiera que ésta sea.

No es sorprendente, pues, que la Genética se haya diversificado tanto en tan poco tiempo. Puede haber buenos especialistas que ni lleguen a entenderse entre sí. Buena prueba de ello es la diversidad de programas universitarios existentes, que dan la impresión a veces de corresponder a materias distintas. La Genética fue profundamente unificadora dentro de las ciencias biológicas y en su propia evolución estuvo a punto de fragmentarse irremisiblemente. Hoy en día es imposible para cualquiera de nosotros ignorar por completo qué es lo que se hace en otros campos; en la más pura genética cuantitativa hay que incorporar los avances en mapeo por medio de marcados moleculares, y los más ortodoxos moleculares (si es que el calificativo "ortodoxo" se le puede aplicar ya a cualquiera de los campos de la Genética) ni pueden ni deben ignorar la actual y multifacética polémica sobre organismos transgénicos.

Por ello es importante la existencia de las Sociedades de Genética, una de las cuales es la nuestra. Su papel debe ser, si se permite la comparación, el del "patio de recreo" de los colegios: un lugar en

el que todos se encuentran, estén en la clase que estén y lleven el tiempo que lleven en el colegio. Puede decirse que ese papel lo tienen los Congresos, pero éstos no deben ser otra cosa que la manifestación

No es sorprendente que la Genética se haya diversificado tanto en tan poco tiempo

pública de la actividad de la Sociedad. De la abundancia del corazón debe hablar la boca. Un corazón rico debe dar para muchas palabras.

El problema, pues, es tener abundancia de corazón. El de una Sociedad son sus componentes. Si están en "torres de marfil" creyendo que en ella está el "ombligo del mundo", el oráculo de Apolo, no son ya hombres de este mundo de final del siglo. Hoy en día, hasta las cuevas oraculares están conectadas por Internet... Por otra parte, el ermitaño en su torre necesita comer

De la abundancia del corazón debe hablar la boca. Un corazón rico debe dar para muchas palabras

y beber de los campos circundantes. Ha habido pocos San Antonios a los que un cuervo divino les llevara

pan y queso.

La Genética fue conexión de ciencias biológicas y no biológicas, de campos básicos y aplicados, y nadie dudará de que aquel flujo en todas direcciones enriqueció y fertilizó a aquellas y a éstos. Pero había un sentimiento común de estar dentro de una Ciencia llamada Genética. Si existe, pues, una misión para una Sociedad de Genética (y una Sociedad no es su Directiva, sino sus miembros), esa misión no puede ser otra que mantener la "variación" originada y estimularla aún más, pero permitiendo una "panmixia" mental por todos los medios que la técnica actual ofrece, incluyendo, por supuesto, los procedimientos clásicos como reuniones y congresos: al conocimiento directo entre quienes desean comunicarse aún no lo ha reemplazado nada.

Pero la trama de cualquier Sociedad está compuesta por sus afiliados. Estos deben serlo pensando en ser materia activa, no simples componentes pasivos que esperan información o beneficios sin poner nada a cambio. La participación en asambleas generales de la Sociedad, en congresos, en este pequeño vehículo de contacto que es nuestro boletín, a través del correo electrónico, de Internet, de la organización en secciones, de mantener viva la vida de estas secciones, que no son otra cosa que los órganos de un cuerpo que no es otro que la propia Sociedad, en la labor de atraer nuevos miembros, que no han de ser necesariamente profesionales de la Genética, y aún en muchas cosas más. La junta Directiva no es más que un vehículo canalizador de esta actividad.

Pero para ello hay que estar convencido de que la unión hace la fuerza, esto es, la eficacia y el crecimiento no sólo social sino personal. Y, sobre todo, de que la Genética sigue siendo una disciplina multidisciplinar pero unitaria, multifacética pero integradora, capaz de llegar desde los principios de la vida a las aplicaciones más cotidianas. Y de que todo eso es Genética.

NUEVA JUNTA DIRECTIVA DE LA SEG

José Ignacio Cubero Salmerón
Presidente de la SEG

El 12 de Diciembre de 1998, los asistentes a la Asamblea Extraordinaria de la SEG me eligieron para sustituir a Roser, sustituir que no reemplazar, pues su gestión al frente de la Sociedad va a ser difícilmente olvidada. No es éste el momento de comunicarnos todas las aspiraciones de la nueva junta Directiva; todo llegará. Baste, pues, por ahora, que sepáis que los que nos hemos comprometido con la SEG lo hemos hecho para canalizar y llevar a cabo todas las ideas que tengáis para la buena marcha de la Sociedad, que tan bien supieron llevar a cabo Roser y su Directiva, a todos los cuales agradezco la magnífica salud con la que nos han dejado la SEG a los nuevos.

JUNTA DIRECTIVA:

Presidente:

José Ignacio Cubero Salmerón, Universidad de Córdoba

Vicepresidente:

José Pío Beltrán Porter, CSIC, Valencia

Secretario:

Antonio Martín Muñoz, CSIC, Córdoba

Tesorera:

Conchita Romero Martínez, Universidad Complutense, Madrid

Vocales:

José María Carrillo, Universidad Politécnica, Madrid

Alberto Ferrús Gamero, CSIC, Madrid

Jordi García Fernández, Universidad de Barcelona

Juan Jiménez Martínez, Universidad de Málaga

Fina Méndez Felpeto, Universidad de A Coruña

José Luis Micol Molina, Universidad Miguel Hernández, Alicante

COMENTARIOS DE CIENCIA

Juan Jiménez Martínez
Director Editorial

En esta sección pretendemos reflexionar en voz alta sobre trabajos que aportan resultados especialmente sorprendentes. Naturalmente, lo que sorprende a unos no necesariamente sorprende a otros, por lo que es importante que cuando alguno lea algo que lo considere relevante, nos lo cuente a los demás a través de esta sección del boletín (enviando el comentario por e-mail a jimmar@uma.es), y por complementación esperemos que no se nos escapen noticias científicas de las que nos conviene estar al día como culturilla general de la genética de hoy, sobre todo cuando están alejadas de nuestro ámbito de especialidad. Vayan los siguientes comentarios como botón de muestra, que como otras secciones de este boletín, están "cocinados en casa" porque han sido los cuellos de mis colegas más cercanos los únicos que he podido presionar para iniciar esta nueva fase de la SEG. Una fase, dicho sea de paso, en la que sin la responsabi-

lidad directa de nuestro amigo Alfonso Jiménez Sánchez, que duda cabe que esto del boletín se vuelve bastante complicado de llevar. Por fortuna, sigue ahí para echar una mano, y desde aquí aprovecho para agradecerse.

COMPORTAMIENTO DE *C. ELEGANS*

Juan Jiménez y Manuel Muñoz
Málaga

Como ocurre en muchas especies, incluso en la nuestra, hay gusanos a los que les gusta vivir en sociedad y otros que actúan en solitario. Lo sorprendente es que en *C. elegans*, el que una cepa sea solitaria o sea social es monogénico. Bono y Bargman (Cell 94, 679-689, 1998) han clonado ese gen y demuestran que esa espectacular diferencia de comportamiento se debe a un simple cambio de una valina por una fenilalanina en una proteína parecida a un receptor de neuropéptidos tipo Y. Mediante mutación dirigida en ese gen, logran que una cepa solitaria con su valina en el

receptor se vuelva social cambiándose por una fenilalanina, y viceversa. De hecho, con el alelo nulo de ese gen, o cualquier mutación que haga que el receptor no funcione, el gusano se vuelve social y como cabría esperar en función de esto, ser social es recesivo. Los gusanos solitarios de la naturaleza, aislados en Inglaterra, California y Wisconsin, todos tienen valina y aunque cualquier mutación de falta de función genera cepas sociales, todos los aislados con esta característica (en Inglaterra, Alemania, Australia, Hawai y California) tienen fenilalanina en esa posición, lo que permite proponer a los autores que los gusanos sociales de la naturaleza provienen todos de una única mutación, más que de la reinvencción independiente del fenómeno en distintas poblaciones durante la evolución. Finalmente resaltar que ser solitario parece ser ventajoso en situaciones de abundancia de comida, mientras que ser social es mejor para sobrevivir en condiciones de escasez. Ha saber qué alelo tienen nuestros ermitaños en el gen homólogo a este de los gusanos.

EUCARIONTE CON CROMOSOMAS CIRCULARES

Andrés Garzón
Málaga

Tener cromosomas lineales es un engorro para los eucariontes porque necesitan una peculiar estructura en *cis* en los extremos del DNA y una compleja maquinaria que actúa en *trans* para mantenerla. Un grupo japonés comprueba que los mutantes de levadura (*S. pombe*) que pierden la capacidad de regular la longitud y estabilidad de los telómeros crecen birriosamente como cabe esperar, pero curiosamente, seleccionando células que recuperan la capacidad de crecer bien encuentran un resultado sorprendente: entre ellas algunas colonias logran resolver el problema telomérico haciendo circulares todos sus cromosomas (Nature genetics 20:203, 1998). Estas levaduras carecen de secuencias teloméricas y aunque tienen problemas para hacer meiosis, replican perfectamente su genoma y crecen y se dividen con normalidad, como si de cromosomas bacterianos (circulares) se tratara. Este resultado, donde por primera vez se describe un eucarionte con cromosomas circularizados, induce a especular sobre el origen de los cromosomas y a comprobar que, aunque los primeros genomas de la vida fueran lineales por la naturaleza química de los poli nucleótidos, es fácil entender que muy pronto surgieran en la evolución sistemas vivos que los recircularizarán.

LOS AJUSTES REQUERIDOS POR LA EVOLUCIÓN DARWINISTA

JOHN MADDOX

"Lo que queda por descubrir", editorial Debate

"Lo que queda por descubrir no es exactamente lo que se descubrirá", señala el físico y divulgador británico John Maddox en el inicio de su nuevo libro, que se refiere a los retos científicos actuales. En "Lo que queda por descubrir" (Editorial Debate), del que reproducimos parte del capítulo El árbol genealógico de la naturaleza, Maddox, que fue durante 23 años director de la revista científica

Nature, se centra en tres áreas muy activas -la física, la biología y el cerebro- de la ciencia del final del siglo y se aventura a enumerar los problemas pendientes. Concluye el autor que el conocimiento del cerebro es probablemente el área en la que los interrogantes planteados tardan más en resolverse.

En tiempos recientes, el gradualismo de Darwin sufrió un ataque directo. En 1972, [Stephen Jay] Gould y Niles Eldredge pusieron en tela de juicio el concepto darwinista de que la evolución de una especie es el resultado de la acumulación de pequeñas variaciones; precisamente lo que preocupaba a Huxley, el amigo de Darwin.

Gould y Eldredge reunieron evidencias del registro fósil que demostraban que la norma, y no la excepción, es que las formas de vida se mantengan inalteradas durante largos periodos de tiempo, que pueden durar millones de años. A este estado de cosas le llamaron estancamiento. Según ellos, en el registro fósil existen pocos indicios de los cambios graduales que, según Darwin, indicarían las sucesivas adaptaciones de las especies para acomodarse cada vez mejor a un ambiente estable.

Entonces, ¿cómo y cuándo se producen los cambios? De repente y muy de vez en cuando, responden los puntuacionistas. El aparente equilibrio de las formas de vida durante los largos periodos de estancamiento está puntuado por etapas de cambio rápido, incluso espectacular. Ésta es la doctrina del equilibrio puntuado. Desde 1972, esta cuestión parece haber dividido a los evolucionistas en dos bandos enfrentados.

Registro fósil

A pesar de la polémica que ha generado este argumento no es más que un comentario extenso sobre el carácter del registro fósil. A los primeros darwinistas se les exigía constantemente que presentaran pruebas fósiles de las supuestas formas de transición que según ellos habían existido, por ejemplo, entre los mamíferos y los primeros primates.

La ausencia en el registro fósil de un eslabón perdido entre los seres humanos y su supuesto antepasado común con los simios antropoides provocó todo un escándalo en el siglo XX. Con razón, pero con demasiada frecuencia para resultar convincentes, los darwinistas no tenían más remedio que replicar que el registro fósil es manifiestamente incompleto.

Uno de los fastidios de la paleontología es que es cuestión de suerte que un animal o planta concreto quede fosilizado. Todo depende de su estructura, de cómo y dónde muere y de lo seco o húmedo que esté el terreno. La fauna de las pizarras de Burgess es una abundante colección de animales del Cámbrico medio, encontrada en una cantera -ahora famosa- de las Montañas Rocosas canadienses, donde en otro tiempo se produjeron frecuentes corrimientos de fango a orillas de un mar poco profundo, que sepultaron a numerosos animales vivos en condiciones que impedían el acceso de oxígeno y, por tanto, la putrefacción.

Los habitantes de la ciudad de Pompeya (Italia), cuyos restos atraen actualmente a multitudes de turistas que visitan las ruinas, son una prueba de que una gruesa capa de ceniza volcánica (procedente de la erupción del Vesubio en el año 69) también facilita la fosilización.

Aunque el equilibrio puntuado se basa en la paleontología, también ha recibido el apoyo de estudios evolutivos más recientes, estimulados en el último medio siglo por los buenos resultados que dieron los intentos de conectar la paleontología con la biología más general, con la ecología por ejemplo. Uno de ellos es el caso de los antílopes del sur de África, que Eldredge menciona en apoyo de su hipótesis, citando un estudio de Elisabeth Vrba (actualmente en la Universidad de Yale).

Los antílopes africanos como el ñu, el alceño y otras cinco especies que actualmente viven en el sur de África descienden todos de un tronco ancestral de impalas que ahora se encuentra distribuido por todo el continente africano. Se dispone de una buena evidencia

fósil de la evolución de estos animales, gracias a la dureza de sus cuernos (había montañas de cuernos fósiles en el Museo de Transvaal, en Pretoria, donde Vrba trabajó anteriormente). El registro fósil del impala abarca más de cinco millones de años y, hasta donde pueden decirnos los cuernos, estos animales se han mantenido prácticamente inalterados durante todo este tiempo. Sin embargo, el registro fósil presenta evidencias de no menos de 25 especies derivadas de este tronco, de las que sólo han sobrevivido siete.

Impala único

¿Por qué tantas especies derivadas, y un único impala que no parecía cambiar? La explicación de Vrba es que todas ellas, las supervivientes y las extinguidas, evolucionaron a partir del impala por especialización; cada una se alimentaba de una vegetación distinta y ocupaba un nicho ecológico. Como consecuencia, eran más vulnerables a los accidentes históricos (por ejemplo, cambios de clima) que el impala, que está menos especializado y no depende tanto de un ambiente concreto.

Como suele suceder en el registro fósil, esta evidencia se puede interpretar de dos maneras. La forma aparentemente inalterada de los cuernos desprendidos del impala puede ser una señal de

estancamiento, que apoyaría la idea del equilibrio puntuado. Pero puede que otras características del impala hayan sufrido cambios progresivos en los últimos cinco millones de años, que no han quedado reflejados en los cuernos desprendidos. Y la repetida aparición y extinción de otros antílopes podría considerarse como un caso de repetidas puntuaciones del equilibrio, pero también es compatible con el darwinismo gradualista. Lo normal es que las especies adaptadas a un nicho ecológico desaparezcan del registro cuando su nicho desaparece.

El debate sobre el equilibrio puntuado ha consumido grandes cantidades de tiempo y energía. ¿Con qué resultado? Tablas por agotamiento. Gould y Eldredge hicieron un gran servicio al llamar la atención hacia las grandes diferencias entre las velocidades de evolución de especies que ocuparon al mismo tiempo las mismas zonas de la Tierra; algunas podían estar en equilibrio con su ambiente; otras cambiaban con relativa rapidez, acumulando variaciones que permitían a sus miembros cambiar de hábitos para ocupar nichos nuevos.

Pero nada de esto contradice el darwinismo. El estancamiento prolongado no es nada nuevo para los evolucionistas "convencionales": John Maynard Smith, por ejemplo, cita el caso de los peces pulmonados, adaptados para

sobrevivir en aguas temporales (por ejemplo, en la zona intermareal de las costas) enterrándose en el fango; su registro fósil abarca 300 millones de años.

El fallo de la postura adoptada por Gould y Eldredge es que tiene todo el ruido y la furia propios de un ataque iconoclasta, cuando en realidad no socava en absoluto los principios básicos del darwinismo.

Unas cuantas advertencias nos ayudarán a centrar la controversia. La primera es de tipo técnico: la frase "la velocidad de evolución..." carece de significado absoluto. Desde el punto de vista darwinista, hasta en las especies que están en equilibrio con un ambiente estable (o sea, en estancamiento) aparecen constantemente nuevas variaciones al azar, pero éstas no cambian apenas el carácter general de la especie. Esto no significa que el mecanismo evolutivo haya dejado de vigilar la interacción entre la especie y su ambiente. Hasta el estancamiento es evolución.

La segunda advertencia se refiere a las adaptaciones que surgen en el curso de la evolución, que pueden estar inducidas por diversas influencias, la más frecuente de las cuales es, seguramente, el cambio ambiental.

(Publicado en el periódico EL PAÍS)

RESISTENCIAS GENÉTICAS PARA UNA PLAGA. EL VIRUS DEL RIZADO AMARILLO DEL TOMATE (TYLCV)

E.R. Bejarano
Departamento de Biología
Celular y Genética
Universidad de Málaga

La enfermedad producida por el virus del rizado amarillo del tomate (*tomato yellow leaf curl virus*, TYLCV) es una de las plagas más importantes que sufre este cultivo a escala mundial. El virus, que pertenece a la familia *geminiviridae* y se transmite por medio de la

mosca blanca *Bemisia tabaci*, se ha extendido en los últimos 20 años a muchas partes del mundo donde antes no estaba presente (Czosnek and Latterot, 1997).

A partir de plantas de tomate que mostraban síntomas similares a los descritos para la enfermedad del rizado amarillo del tomate, se han aislado TYLCV en varias partes del mundo. La diversidad obtenida al comparar la secuencia de los

genomas de estos aislados es mayor que la esperada si todos los aislados procedieran de una única especie de virus (Padidam et al., 1995). Todas las secuencias genómicas completas de TYLCV de las que se dispone, se pueden distribuir en tres grupos o especies: (1) TYLCV-TH: corresponde a aislados recogidos en el sudeste asiático (Tailandia, India); (2) TYLCV-IL: corresponde a aislados originalmente recogidos en oriente medio (Israel, Turquía,

Egipto); (3) TYLCV-Sar: corresponde a aislados recogidos en países del Mediterráneo occidental (Italia y España).

ESTRATEGIAS DE CONTROL

La mayoría de los virus de plantas son capaces de infectar y causar enfermedad sólo a un número muy limitado de especies vegetales. Para el establecimiento de una infección en una planta, el virus tiene que entrar en la planta mediante un vector, que suele ser un insecto. Una vez en las células vegetales, el virus requiere un gran número de funciones celulares para replicarse y moverse dentro de su huésped, lo que se logra mediante una interacción entre funciones del virus y de la planta. Sólo cuando se dan todas estas circunstancias, el virus es capaz de propagarse provocando la infección. Esta infección puede conllevar a la aparición de síntomas que caracterizan la enfermedad provocada por el patógeno. Sin embargo, en numerosas ocasiones la infección no produce alteraciones morfológicas en la planta, de manera que la entrada y propagación del virus pasa desapercibida para el observador. Por todo esto es evidente que la infección es un hecho excepcional, mientras que el fenómeno de resistencia es el resultado más frecuente en las relaciones planta-virus.

El control de una infección vírica se puede lograr impidiendo la entrada del virus en la planta mediante el control del vector de transmisión, o impidiendo su replicación y propagación en los tejidos vegetales.

Control del virus en la planta

Resistencias naturales

Los fenómenos de resistencia a virus que se observan en la naturaleza pueden tener su origen en la planta o en el patógeno.

Resistencias codificadas por la planta

El empleo de este tipo de resistencias requiere la determinación previa del número de genes responsables del fenotipo y de sus

características genéticas de dominancia o recesividad.

La forma de resistencia activa más estudiada es la denominada reacción de hipersensibilidad (HR) que se desencadena por la interacción entre genes de resistencia de la planta y genes de avirulencia del patógeno. Este reconocimiento conduce a la necrosis del tejido circundante al punto de infección. De esta manera la planta impide que el virus se propague y la infección queda contenida en los sitios donde se inoculó el virus (Fraser, 1985). La mayoría de los procesos que conducen a la necrosis de las células durante la HR son comunes para todas las HR producidas como respuesta a distintos virus, lo que sugiere que tras los sucesos de reconocimiento de los patógenos se produce la activación de un mecanismo común de respuesta. No se ha descrito ningún ejemplo de HR al virus del rizado amarillo del tomate (TYLCV) (Kunkel, 1996).

Otro tipo de resistencias, denominada pasiva, es la que se produce constitutivamente en la planta por la ausencia de alguna función necesaria para el establecimiento de la infección o por la expresión de un alelo modificado de un gen celular necesario para el establecimiento de la infección.

a) Resistencia pasiva por ausencia: este tipo de resistencia también ha sido denominada resistencia por no huésped. Normalmente esta clase de resistencia es común a todos los miembros de la misma especie que carecen de una o varias funciones necesarias para la replicación del virus y/o la formación de síntomas (Fraser, 1990).

b) Resistencia pasiva por modificación: normalmente funciona a nivel de variedades. La variedad resistente contiene un gen o genes que le confieren resistencia a un determinado virus, al que la especie a la que pertenece es normalmente sensible. Este tipo de resistencia suele deberse a la expresión de un alelo de un gen requerido para la infección. La modificación presente en el alelo no altera su función en la planta pero impide su capacidad de

interacción con el virus.

En lo que se refiere a TYLCV, se conocen varios ejemplos de resistencia codificada por la planta, algunos de los cuales han sido o están siendo introducidos en variedades de interés agronómico mediante programas de mejora genética. Todos los cultivares de tomate (*Lycopersicon esculentum*) son susceptibles y aunque algunos genotipos han sido descritos como moderadamente susceptibles o ligeramente tolerantes, ninguno de ellos alcanza un nivel de resistencia suficientemente satisfactorio como para introducirlos en programas de mejora clásica (Pico et al, 1996). Por esta razón se han empleado fuentes de resistencia a TYLCV de especies silvestres de *Lycopersicon*, que muestran resistencia a un gran número de patógenos de tomate. Se han encontrado accesiones de *L. pimpinellifolium*, *L. cheesmanii*, *L. hirsutum*, *L. peruvianum* y *L. chilense* con un cierto nivel de resistencia o tolerancia a TYLCV en infecciones en el campo. Las características genéticas de estas resistencias van desde la dominancia parcial monogénica, a patrones poligénicos con relaciones de dominancia o recesividad (Pico et al, 1996).

Resistencia originada por el virus

La resistencia a las infecciones por virus observada en algunos cultivos, puede tener su origen en el agente patógeno y no en las características genéticas de la planta. En virus, se conocen dos mecanismos que conllevan a este tipo de resistencia: la formación de partículas subgenómicas del virus que interfieren con la replicación del mismo y los fenómenos de protección cruzada.

Las partículas subgenómicas son moléculas que contienen una copia parcial del genoma del virus que siempre incluye el origen de replicación. La presencia en una infección de estas partículas produce la disminución de la replicación del genoma completo del virus y por tanto la reducción o inhibición de la formación de síntomas (Baulcombe, 1989). se ha descrito este tipo de partículas para

TYLCV si se han encontrado en infecciones con otras especies de geminivirus incluyendo a TLCV (virus del rizado de la hoja de tomate) que produce síntomas similares a TYLCV en tomate (Dry et al., 1997; Stanley et al., 1997).

La protección cruzada es un fenómeno observado desde la antigüedad y que consiste en la aparición de resistencia a un virus en plantas que han sido previamente infectadas por una estirpe avirulenta del mismo virus. Parece que esta inmunidad puede estar mediada por la presencia de DNA, RNA o proteínas de la estirpe avirulenta del virus en el momento de producirse la segunda infección (Lomonosoff, 1995). Aunque no se han descrito casos de protección cruzada con geminivirus, si se ha demostrado que la infección de distintas plantas de tomate con mutantes de TYLCV de baja virulencia, puede proteger muy eficientemente frente a aislados de TYLCV silvestres y virulentos (Antignus and Cohen, 1994).

Resistencias "de novo"

En las últimas dos décadas se han desarrollado diversas estrategias para la obtención de plantas resistentes a virus, basadas en la modificación de la expresión de secuencias de nucleótidos que tienen diversos orígenes (virus, plantas, ratones, etc.) y que codifican funciones no relacionadas con mecanismos de resistencia a patógenos. La introducción de estas secuencias modificadas en la planta conlleva la resistencia frente al patógeno.

Hemos clasificado estas estrategias en dos apartados dependiendo del origen vírico o no vírico de las secuencias de nucleótidos utilizadas.

Secuencias de origen vírico

La resistencia mediada por patógeno (*pathogen-derived resistance*, PDR) consiste en introducir en las plantas, un fragmento del genoma de un virus para la obtención de líneas de plantas resistentes a ese virus (Lomonosoff, 1995). Esta producción de resistencias ha dado

hasta la fecha buenos resultados a nivel de laboratorio y ya existen variedades de plantas resistentes a virus que están en proceso de comercialización.

Tres han sido las estrategias de este tipo que se han seguido para el desarrollo de resistencia a geminivirus:

1.- Expresión de genes del virus.

Existen numerosos ejemplos en la bibliografía sobre este tipo de estrategia para obtener plantas resistentes a virus de RNA (Lomonosoff, 1995), que han sido divididos, dependiendo de la molécula del virus necesaria para que se produzca la resistencia, en: (i) resistencia mediada por RNAm o (ii) resistencia mediada por proteína.

La producción de RNA-antisentido es una estrategia muy utilizada para la supresión de la expresión génica en muchos organismos

La resistencia mediada por RNAm suele proteger frente a niveles muy altos de inóculo y es muy específica del tipo de virus cuyo gen se ha utilizado. Por el contrario la resistencia mediada por proteína protege frente a niveles más bajos de inóculo, y es menos específica del tipo de virus por lo que confiere a la planta resistencia a un mayor número de especies de virus.

En geminivirus existen dos ejemplos de esta estrategia: la sobreexpresión de la proteína de la cápsida (CP) de la especie israelita de TYLCV-IL (Kunik et al, 1994) y la expresión de la proteína truncada del gen Rep de TYLCV-Sar. Las

plantas expresando CP desarrollan síntomas al ser infectadas por

TYLCV-IL, aunque la intensidad de los mismos es muy inferior a la de las plantas control, y en la mayoría de ellas estos síntomas terminan por desaparecer. Se ha postulado que la sobreexpresión de la proteína de la cápsida conlleva la disminución del número de viriones que entran en el núcleo de la célula y pueden por tanto replicarse. La entrada de los viriones en el núcleo se produce por interacción de la proteína de la cápsida con proteínas celulares transportadoras. La sobreexpresión de CP disminuye los transportadores libres para el virus (Pico et al. 1996).

La expresión de alelos dominantes no funcionales del gen de la replicasa del virus (Rep) produce la disminución o ausencia en el desarrollo de los síntomas de la enfermedad. No obstante, esta resistencia viene acompañada de la aparición en las plantas de fenotipos anormales debido posiblemente a la toxicidad de la proteína truncada.

2.- Expresión de RNA-antisentido

La producción de RNA-antisentido es una estrategia muy utilizada para la supresión de la expresión génica en muchos organismos. Con geminivirus, esta estrategia se ha empleado para obtener plantas de tabaco resistentes a (TGMV) (Day et al., 1991; Bejarano et al. 1992) y de *Nicotiana benthamiana* a TYLCV-Sar (Bendahmane and Gronenborn, 1997). En el caso de TGMV se ha comprobado además que la expresión del RNA-antisentido es capaz de inhibir la replicación de otro geminivirus relacionado (BCTV) debido al porcentaje de identidad que tienen las secuencias del gen Rep de ambos virus (Bejarano and Lichtenstein, 1994).

3.- Producción de partículas subgenómicas (PS) del virus

La transformación de plantas con genomas parciales del geminivirus africano del mosaico de la mandioca (ACMV) atenúan la aparición e intensidad de los síntomas, debido

posiblemente a que compiten con el geminivirus por la maquinaria de replicación del DNA (Stanley et al., 1990). El mecanismo por el cual se produce la protección cruzada de TYLCV descrita anteriormente es seguramente similar al de la protección que confieren las PS. Basándose en esta estrategia, se ha conseguido protección cruzada frente a TYLCV, inoculando en plantas sensibles mutantes de TYLCV defectivos en el gen C4 (Kouchkovsky et al., 1993).

Secuencias de origen no vírico

Esta estrategia para la obtención de plantas resistentes al virus se basa en la introducción en la planta de genes que no proceden del patógeno pero cuya expresión una vez incorporados al genoma de la planta impide que se produzca la infección.

Hong et al. (1996) han obtenido plantas de *Nicotiana benthamiana* transgénicas resistentes al geminivirus ACMV, mediante la expresión inducible en las células infectadas de una proteína tóxica de origen vegetal (*dianthin*). La expresión de esta proteína está regulada por un promotor del virus cuya transcripción es activada por una de las proteínas del virus (C2). De esta manera sólo mueren las células vegetales que han sido infectadas por el virus.

Uno de los abordajes más espectaculares consiste en la obtención de plantas que producen anticuerpos específicos contra el patógeno (Tavladoraki, 1993). Este tipo de estrategia ha dado buenos resultados con el virus del rizado moteado de la alcachofa (AMCV). Al infectar plantas de *Nicotiana benthamiana* que expresan de forma constitutiva un anticuerpo frente a la proteína de la cápsida de AMCV, se produce una reducción en la intensidad de la infección y un retraso en la aparición de los síntomas. No se ha descrito ningún ejemplo de este tipo de estrategia en geminivirus.

BIBLIOGRAFÍA

Antignus Y. and Cohen S. Complete nucleotide sequence of a mild isolate of tomato yellow leaf curl virus

(TCYLCV). *Phytopathology*. 84: p. 707-712, 1994.

Bejarano E. R. and C. P. Lichtstein. Expression of TGMV antisense RNA in transgenic tobacco inhibits replication of BCTV but not ACMV geminiviruses. *Plant Molecular Biology*. 24: 241-248, 1994.

Bejarano E. R., Day A. G., and Lichtstein C. "Use of antisense RNA technology to engineer virus resistance in plants." *Antisense RNA and DNA*. Wiley-Liss ed. 1992

Bendahmane M. and Gronneborg. B. Engineering resistance against tomato yellow leaf curl virus (TYLCV) using antisense RNA. *Plant Mol Biol*. 33: 351-357, 1997.

Czosnek H and Laterrot H. A worldwide survey of tomato yellow leaf curl viruses. *Arch Virol*. 142: p. 1391-1406, 1997

Day A., Bejarano E. R, Burrell M, Buck K. and Lichtstein C. Expression of antisense RNA in transgenic tobacco plants confers resistance to geminivirus infection. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.*: 1991.

Dry I. B., Krake L. R., Rigden J. E. and Rezalan M. A. A novel subviral agent associated with a geminivirus: The first report of a DNA satellite. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 94: 7088-7093, 1997.

Fraser R. S. S. Mechanisms of induced resistance to virus disease. *Mechanisms of Resistance to Plant Diseases*, ed. R.S.S. Fraser. p. 373-404, 1985.

Fraser R. S. S. The genetics of resistance to plant viruses. *Annu. Rev. Phytopathol*. 28: 179-200, 1990.

Hong Y., Saunders K., Hartley M.R. and Stanley J. Resistance to geminivirus infection by virus-induced expression of dianthin in transgenic plants. *Virology*. 220 n1: p. 119-127, 1996.

Lomonosoff G.P. Pathogen-derived resistance to plant viruses. *Annu. Rev. Phytopathol*. 33: p. 323-343, 1995.

Kouchkovsky F., Jupin I., War-

ting L., Bendahmane M., Kheyr-Pour A., Jouanneau F., Accotto G.P., Matzeit V., and Gronenborn B. Molecular biology of Tomato Yellow Leaf Curl Virus (TYLCV) and potential ways to control the disease, in *Molecular Biology of tomato*, J. Yoder, Editor. Technomic Publishing: p. 227-238, 1993.

Kunik, T., R. Salomon, D. Zamir, N. Navot, M. Zeidan, I. Michelson, Y. Gafni and H. Czosnek. Transgenic tomato plants expressing the tomato yellow leaf curl virus capsid protein are resistant to the virus. *Bio/technology*. 12: 500-504, 1994.

Kunkel, B. N. A useful weed put to work: genetic analysis of disease resistance in *Arabidopsis thaliana*. *Trends in Genetics*. 12: 63-69, 1996.

Lomonosoff, G. P. Pathogen-derived resistance to plant viruses. *Ann. Rev. Phytopathol*. 33: 323-343, 1995.

Padidam M., Beachy R.N. and Fauquet C. Classification and identification of geminiviruses using sequence comparisons. *Journal of General Virology* 76: p. 249-263, 1995.

Picó B., Diez M. J. and Nuez F. Viral diseases causing the greatest economic losses to the tomato crop. 11. The Tomato Yellow Leaf Curl Virus a review. *Scientia Horticulturae*. 67: 151-196, 1996.

Stanley J., Frischmuth T. and Ellwood S. Defective Viral DNA Ameliorates Symptoms of Geminivirus Infection in Transgenic Plants. *Proc Natl Acad Sci USA*. 87(16): 6291-6295, 1990.

Stanley J., Saunders K., Pinner M. S. and Wong S. M. Novel defective interfering DNAs associated with Ageratum Yellow Vein Geminivirus infection of *Ageratum conyzoides*. *Virology*. 239: 87-96, 1997.

Tavladoraki P., Benvenuto E., Trinca S., De Martins D., Cattaneo A. and Galleffi P. Transgenic plants expressing a functional single-chain Fv antibody are specifically protected from virus attack. *Nature*. 366: 469-472, 1993.

PRESENTAMOS A... MÁLAGA

ÁREA DE GENÉTICA, UNIVERSIDAD DE MÁLAGA

Dirección

Área de Genética
Departamento de Biología Celular y Genética
Universidad de Málaga
Campus Universitario de Teatinos ,29071 Málaga
tel: 952 132001
fax: 952 131955

GRUPO DE GENÉTICA DEL CONTROL DE LA DIVISIÓN CELULAR

Jimmar@uma.es

Doctores del grupo:

Juan Jiménez Martínez (Catedrático U.)
Guillermo Thode Mayoral (Prof. Titular U.)
Andrés Garzón Villar (Prof. Asociado)
Manuel Jesús Muñoz Ruiz (Prof. Asociado)

Becarios que realizan el doctorado

Rafael R. Daga
Cristina Palomeque
Manuel Fidalgo
Víctor Álvarez
Andrea Santino
Marcos Alguacil
Antonio Pérez Pulido

Líneas de Trabajo

- Genética del control de la división en levaduras de fisión
- Mejora genética de levaduras industriales (vínicas)
- Identificación de péptidos de interés aplicado mediante análisis computacional.

Proyectos o contratos en curso

- European *Schizosaccharomyces* genome sequencing project. CE contract B104-CT960159. 1996-1999. IP Juan Jiménez (coordinador: B. Barrell)
- División celular en levaduras: un modelo funcional en eucariontes DGICYT PB96-0681 A. 1997-2000. IP Juan Jiménez
- Proyecto europeo de secuenciación del genoma de *Schizosaccharomyces*. CICYT BI097-1611-CE. 1997-2000 IP Juan Jiménez
- Diagnóstico y prevención de contaminaciones de *Brettanomyces* en vinos de crianza biológica. CICYT. IFD97-0875-C02-O1. 1999-2001. IP Juan Jiménez
- Diccionario de Secuencias Peptídicas con Aplicaciones en la Biotecnología de Proteínas. CICYT. IF-97. 1999-2001. IR Guillermo Thode
- Molecular biology of yeasts: basic and applied aspects. Ministerio de Asuntos Exteriores (Cooperación hispano-húngara n° 5 aprobado en la 8a Reunión de la Comisión Mixta) 19982000. Juan Jiménez/Matthias Sipiczki
- Caracterización de híbridos de levaduras de flor en la producción de vino fino. OSBORNE y Cia SA. 1995-1999. IP Juan Jiménez

Publicaciones relevantes

- Jiménez J, Alphey L, Nurse P, Glover D (1990) Complementation of fission yeasts *cdc2ts* and *cdc2Sts* mutants identifies two cell cycle genes from *Drosophila*: a *cdc2* homologue and *string*. EMBO J 9: 3565-3571
- Jiménez J (1991) Cryopreservation of fission yeast protoplasts. Trends Genet 7: 91
- Alphey L, Jiménez J, White-Cooper H, Dawson I, Nurse P, Glover D (1992) *Twine*, a *cdc25* homologue that function in the male and female germline of *Drosophila*. Cell 69:977-988
- Ibeas I and Jiménez J (1993) Electrophoretic Karyotype of budding yeasts with intact cell wall. Nucleic Acids Res. 21: 3902
- Jiménez J and Oballe J (1994) Ethanol-sensitive and ethanol-dependent *cdc*-mutants in *Schizosaccharomyces pombe*. Mol Gen Genet 245: 86-95
- Bejarano ER, Muñoz MJ and Jiménez J (1995) Functional analysis of the *Drosophila cdc2Dm* gene in the fission yeast. Mol Gen Genet 248: 621-628
- Thode, G, Ranea, JAG and Jiménez J (1996) Search of ancient patters in protein sequences. J Mol Evol 42: 224-233
- Ibeas, I, Jiménez, J. (1997) Mitochondrial DNA loss caused by ethanol in *Saccharomyces* flor yeasts. Appl. Environ. Microbiol. 63: 7-12
- Alphey, L, Jiménez J and D. Glover. (1998) A *Drosophila* homologue of oxisterol binding protein (OSBP)-implications for the role of OSBP. Biochim Bioph Acta 1395:159-164
- Muñoz MJ and Jiménez J (1999) Genetic interactions between Hsp90 and the Cdc2 mitotic machinery in the fission yeast *Schizosaccharomyces pombe*. Mol Gen Genet 261: 242-250

Libros y Capítulos de libros recientes

- Jiménez J, Muñoz MJ, Daga RR, e Ibeas I (1995) Control de la entrada en mitosis en células eucariontes. en: Microbiología y Genética molecular. (Casadesús y Berraquero, editores. SEM.)
- Jiménez J (1998) La levadura: el mejor amigo del hombre. En: La alimentación mediterránea: una apuesta científica y empresarial. págs. 65-73. Servicio de Publicaciones de la Universidad de Málaga
- Jiménez Sánchez A y Jiménez J (1998) Genética Microbiana. Editorial Síntesis. Madrid. 374 pgs.
- Jiménez J and Fidalgo, M (1999) Genomic complexity of *Saccharomyces* wine yeasts. In: Recent Research Developments in Microbiology.(S.G. Pandalai, editor), Publisher: Research Sigapost, India.
- Jiménez J, Fidalgo, M and Alguacil M. (1999) *Brettanomyces*. In: Robinson R, Batt, C and Patel P (Eds), Encyclopedia of Food Microbiology. Academic Press. London.

GRUPO DE GENÉTICA Y BIOTECNOLOGÍA APLICADA A LA ACUICULTURA

Alvarez@uma.es

Doctores del grupo:

M^a Carmen Álvarez Herrero (Prof. Titular de U.)

Becarios que realizan el doctorado:

José Antonio Alarcón

Sonia García-Pozo

Julia Béjar

Sergio Oliva

Líneas de Trabajo

- Análisis poblacional de especies de peces marinos mediante marcadores moleculares
- Transgenia y desarrollo de células ES en especies cultivadas de peces marinos

Publicaciones relevantes

- Reina, J., Martínez, G., Amores, A., y Álvarez, M.C. (1994) Interspecific genetic differentiation in Mediterranean Sparid fish. *Aquaculture* 125 (1-2):47-57
- Amores, A. Béjar, J. y Álvarez, M.C. (1995) High-resolution replication bands in the Anguilliform fish *Echelus myrus*. *Chromosome Research* 3: 423-426
- Amores, A. Béjar, J. y Álvarez, M.C. (1995) Replication, C and AgNOR chromosome banding in two Anguilliform fish species. *Marine Biology* 123: 845-849
- Álvarez, M.C. (1995) Los peces, sistemas "modélicos" en la manipulación genética. *Aulas del mar, Acuicultura*. Zamora et al. Ed. Univ. Murcia 207-218
- Béjar J., Borrego J.J. and Álvarez M.C. (1997) Continuous cell line from the cultured marine species gilthead sea bream (*Sparus aurata*) *Aquaculture* 150: 143-153
- García-Pozo S and Álvarez M.C. (1998) Comparative expression of the plasmids pCMVCAT and pCMVtk_{lacZ} in embryos and larvae of the seabream. *CIHEAM Cahiers Options Méditerranéennes*. 34:141-151
- Béjar, J., Hong Y. and Álvarez M.C. (1998) Development of ES cells from *Sparus aurata* embryos: Preliminary results. *CIHEAM Cahiers Options Méditerranéennes*. 34: 131-139
- Martínez-Rodríguez, G., Álvarez M.C., and McAndrew, B. J. (1998) Genetic variability of European sea bass, *Dicentrarchus labrax* L: Data from a hatchery stock. *Aquaculture Research* 29: 851-853.
- Béjar J., Borrego J.J. and Álvarez M.C. (1997) Continuous cell line from the cultured marine species gilthead sea bream (*Sparus aurata*). *Aquaculture* 150: 143-153
- García-Pozo S., Béjar, J., Shaw M. and Álvarez M.C. (1998) Effect of exogenous DNA microinjection on early development response of the seabream (*Sparus aurata*) *Molecular Marine Biology and Biotechnology* 7: (4) 248-258
- Alarcón, J.A. and Álvarez M.C. (1999) Genetic identification of sparidae species by isozyme markers. Applications to interspecific hybrids. *Aquaculture* 173: 95-103
- Pérez-Prieto, S.I., Rodríguez-Saint Jean, S., García-Rosado, E., Castro, D., Alvarez, M.C. and Borrego, J.J. (1999) Virus susceptibility of the fish cell line SAF-1 derived from gilthead seabream. *Diseases of aquatic organisms* 35: 149-153

Proyectos o Contratos en curso:

- Identification of genes involved in early fish development. CE.1994-1998. I.P: M^a Carmen Álvarez Herrero
- A comprehensive genetic study of cultured and wild stocks of gilthead sea bream (*Sparus aurata*) and genetic assessment of several related species as candidates for aquaculture. CE. 1995-1998. I.P: M^a Carmen Álvarez Herrero
- Desarrollo de células totipotentes de dorada (*Sparus aurata*) para la manipulación genética de la especie. Consejería de Industria, Comercio y Turismo (Junta de Andalucía). 1997 I.P: M^a Carmen Álvarez Herrero
- Influencia de factores genéticos y de la temperatura sobre el crecimiento de la lubina. CICYT.1997-1999. I.P: Alicia García Alcázar
- Assessment of procedures for the development of a european standardised multi-site testing programme: Application to seabass, *Dicentrarchus labrax*. CE.1998-1999. I.P: M^a. Carmen Álvarez Herrero.

GRUPO DE GENÉTICA MOLECULAR DE GEMINIVIRUS

Edu_Rodri@uma.es

Doctores del grupo:

Eduardo Rodríguez Bejarano (Prof. Titular U.)

Jesús Cano (Prof. Titular U.)

Antonio Pretel (Prof. Titular U.)

Amando Flores (Contratado)

Becarios que realizan el doctorado:

Maribel Franco Redrejo

Inmaculada Donoso Cuenca

Araceli Castillo Garriga

Gabriel Morrilla

Líneas de trabajo:

- Variabilidad natural de geminivirus
- Obtención de resistencias a geminivirus mediante ingeniería genética
- Interacción planta-virus
- Desarrollo de vectores víricos
- Citogenética de peces

Proyectos o Contratos en curso:

- Obtención de variedades de tomate resistentes a TYLCV y análisis de los efectos sobre la variabilidad natural y epidemiológica del virus en campo. DGICYT (1FD97-0651)
- Obtención de plantas resistentes al virus del rizado amarillo del tomate. DGICYT (AGF980439-C05-05)
- Análisis para la detección de TYLCV. CoAguilas S.L.C
- Obtención de plantas transgénicas resistentes a TYLCV. Semillas Fitó, S.A.
- Molecular characterisation of plant GIP related genes. Gentech (Francia)

Publicaciones relevantes

- Candau R., E.R. Bejarano and E. Cerdá-Olmedo (1991) In vivo channelling of substrates in a en-

- zyme aggregate for 13-carotene biosynthesis. Proc. Nat. Acad. Sci. (USA). 88: 4936-4940
- Day A.G., E.R. Bejarano, M. Burrell, K. Buck and C.P. Lichtenstein (1991) Expression of an antisense viral gene in transgenic tobacco confers resistance to the DNA virus tomato golden mosaic virus. Procc. Nat. Acad. Sci. (USA), 88: 6721-6725
 - Bejarano E.R., A.G. Day and C.P. Lichtenstein (1992) Use of antisense RNA technology to engineer virus resistance in plants. Antisense RNA and DNA John Wiley & Sons, New York : 137-158
 - Bejarano E.R. y C.P. Lichtenstein (1992) Mutants shed light on plant development. Trends in Genetics. 8: 1-2
 - Bejarano E.R. y C.P. Lichtenstein (1992) Prospects for engineering virus resistance in plants with antisense RNA. Trends in Biotechnology 10: 383-388
 - Bejarano E.R. and E. Cerdá-Olmedo (1992) Independence of the carotene and sterol pathways in *Phycomyces* FEBS Letters. 306: 209-212
 - Ávalos J., E.R. Bejarano and E. Cerdá-Olmedo (1993) Photo-induction of carotenoid biosynthesis. Methods in Enzymology 214:283-293
 - Bejarano E.R. y C.P. Lichtenstein (1994) Expression of a Tomato Golden Mosaic Virus antisense gene in transgenic tobacco suppresses replication of Beet Curly Top Virus but not African Cassava Mosaic Virus. Plant Molecular Biology 24:241-248
 - Bejarano E.R., M. Muñoz and J. Jiménez (1996) Functional analysis of the *Drosophila CDC2Dm* gene in fission yeast. Mol. Gen. Gen. 248: 621-628
 - Bejarano E.R., A. Khashoggi, M. Witty and C.P. Lichtenstein (1996) Integration of multiple repeats of geminiviral DNA into the nuclear genome of tobacco during evolution. Procc. Nat. Acad. Sci. (USA), 93: 759-764
 - Ashby M., A.Warry, E.R. Bejarano, A. Khashoggi, M. Burrell, C. Lichtenstein. (1997) Analysis of multiple copies of geminiviral DNA in the genome of four closely related *Nicotiana* species suggest a unique integration event Plant Mol. Biol 35: 313-321

BLOC DE NOTAS

CONGRESOS Y REUNIONES

Sobre todo, destacar que en Septiembre de 1999 tendrá lugar en A Coruña el II Congreso Nacional de nuestra Sociedad, organizado conjuntamente entre la SEG y el Area de Genética de la Universidad de Coruña. La estructura del Congreso estará fundamentada en tres Conferencias Plenarias y en nueve Workshops.

II CONGRESO DE GENÉTICA A Coruña. 22-24 Septiembre 1999 (www.udc.es/gen)

Cold Spring Harbor Meeting on Tyrosine Phosphorylation & Cell Signalling. New York. 12-16 de Mayo de 1999 (meetings@cshl.org).

Genetic and Molecular Analysis of *Arabidopsis*. Gif sur Yvette. France. 30 de Mayo-12 de Junio de 1999 (www.cnrs-gif.fr/isv/EMBO)

8th Biennial International Congress on Liver Development, Gene Regulation and Disease. Orvieto, Italy, 2-5 June 1999 (liverorvieto@irbm.it)

The Molecular Biology of Chromosome 21 and Down's Syndrome. Sea of Galilee, Israel. 611 Junio 1999 (LVGRONERC@weizmann.weizmann.ac.il)

Advanced Bacterial Genetics. New York, USA. 9-29 Junio 1999 (CSHL, meetings@cshl.org)

The 4th European Conference on Experimental AIDS Research. Tampere, Finland. 19-23 Junio 1999.

26th FEBS Meeting. Nice, France. 19-24 Junio 1999 (Guy.Dirheimer@ibmc.u-strasbg.fr)

Genomics, Functional Genomics, Proteomics and Beyond: New horizons for the 21st Century. Scadema-Pharmaceutical Collaboration, París, 24-25 Junio 1999 (euroconf@pasteur.fr)

***Arabidopsis* Molecular Genetics.** New York, USA. 2-22 Julio 1999 (CSHL, meetings@cshl.org)

II Congress of the Spanish Society of Developmental Biology (1-3 de julio de 1999, Barcelona)

Neurobiology of *Drosophila*. NY, USA, 2-22 Julio 1999 (CSHL, meetings@cshl.org)

Prokaryotic Genetics Today. St. Martin D'Herès, France, 4-18 Julio 1999 (ariane@alize.ulb.ac.be)

9th European Congress on Biotechnology (EFB). Bruselas, Bélgica, 11-15 Julio 1999 (ecb9.orcom@skynet.be)

Seventh Congress of the European Society for Evolutionary Biology (23-28 agosto de 1999, Barcelona)

First International Fission Yeast Meeting. Edimburgo. UK. 25-30 Septiembre 1999 (www2.bio.uva.nl/pombe/)

V Reunión de Biología Molecular de Plantas (25-27 de noviembre 1999, Alicante)

***Drosophila* research conference.** Pittsburgh, Pennsylvania. USA. 22-26 Marzo 2000 (www.faseb.org/genetics/gsa/gsamenu.htm)

Yeast genetics & molecular biology. Seattle, Washington. USA. 25-30 de Julio de 2000 (www.faseb.org/genetics/gsa/gsamenu.htm).

CURSOS

Molecular Clocks (Coorganizan Fundación Juan March / EMBO). Madrid. 10-12 Mayo 1999 (gonzalez@meet.march.es).

1999 Board Review Course in Medical Genetics and Genetic Counseling. Oakland, CA. de 14-16 de Mayo de 1999 (nsgc@aol.com).

Membrane Trafficking and the Cytoskeleton: An Integrated View (coorganizan ASCB /EMBO), Santa Maria Imbaro, Italia, 26-30 Junio 1999 (<http://www.ascb.org/ascb>)

Bioinformatics: From Genome Sequences to

Protein Structures. Uppsala, Suecia. 27 Junio-3 Julio 1999 (Siv.Andersson@molbio.uu.se)

RNA Extraction and Analysis. Hatfield, Herts. UK. 6 Julio 1999 (www.herts.ac.uk/natsci/STC)

PCR Methods and Applications. Hatfield, Herts. UK. 7 or 8 July 1999 (www.herts.ac.uk/natsci/STC)

An Introduction to Bioinformatics. Hatfield, Herts, 12-13 Julio, 1999 (www.herts.ac.uk/natsci/STC)

Techniques in molecular biology Hatfield, Herts-Molecular Modelling for Beginners. Heidelberg, Alemania. 21 Jun-2 Jul 1999 (<http://swift.embl.heidelberg.de/workshop/>)

LIBROS Y AUDIOVISUALES

LIBROS RECIENTES

THE SCIENCE OF GENETICS. Atherly, A.; Girton, J. ed.: Saunders College Publishing. 1999. Texto que presenta los principios básicos de la genética, con especial énfasis en la resolución de problemas. Pensado como libro general para estudiantes de biología.

GENES: the fight for life. Ford, B. ed: Cassell. 1999. Se centra en la complejidad de la biología, explicando células, cromosomas, virus y bacterias. El libro postula una nueva teoría sobre el origen del comportamiento: ya naturaleza humana ya se encuentra en la célula. También examina el futuro de la clonación y la investigación genética.

A PRACTICAL GUIDE TO HUMAN CANCER GENETICS. 2nd ed. Hodgson, S.; Maher, E. ed: Cambridge University Press. 1999. La segunda edición de este libro ofrece una visión global actualizada de los avances en la genética del cáncer, incluyendo el alcance de la predisposición en casos concretos y síndromes de cánceres específicos hereditarios. Pensado especialmente para clínicos.

GENES, GENESIS, AND GOD: values and their origins in science, ethics and religion. Rolston, H. ed: Cambridge University Press. 1999. Un reto a la sociobiología ortodoxa. El libro argumenta que los procesos genéticos de la naturaleza no son ciegos, egoístas y accidentales.

DARWINIAN DYNAMICS: evolutionary transitions in fitness and individuality. Michod, R. ed: Princeton University Press. 1999. Ofrece

alternativas a conceptos clásicos de evolución y adaptación.

GENETIC VARIATION AND DISORDERS IN PEOPLES OF AFRICAN ORIGIN. Bowman, J.; Murray Jr, R. ed: Johns Hopkins Univ. Press. 1999. Destaca lo erróneo de usar diferencias genéticas entre poblaciones humanas en teorías que defienden la supremacía de la raza blanca. El libro da una visión global de las poblaciones africanas, resaltando lo positivo de las diferencias genéticas.

GENETICS IN SUSTAINABLE FISHERIES MANAGEMENT. Saleem, M. ed: Fishing News Books. 1999. El texto se basa en datos obtenidos en ecosistemas tropicales y de aguas templadas, suministra información sobre polimorfismos en poblaciones de peces, marcadores moleculares, técnicas de manipulación genética, y factores que influyen en la diversidad genética.

APOPTOSIS GENES. Wilson, J.W. ed: Kluwer. 1999. La apoptosis es un proceso natural por el que células dañadas o no deseadas mueren de forma programada. El libro revisa los genes clave implicados en este proceso.

MICROBIOLOGY IN ACTION. Heritage, J.; Evans, E. ed: Cambridge University Press. 1999. Una introducción a la interacción de los microbios con su ambiente y con otros organismos. El libro considera los aspectos beneficiosos y perjudiciales de la actividad microbiana en el ambiente y en procesos de manipulación.

PHOTOSYNTHESIS. 6th ed. Hall, D.; Rao, K. ed: Cambridge University Press. 1999. Describe el proceso

fotosintético a nivel molecular basado en estudios bioquímicos, biofísicos y genéticos, y discute la repercusión global en la producción de alimentos y en el ambiente.

PRINCIPLES AND PRACTICE OF BIOANALYSIS. Venn, R. ed: Taylor & Francis. 1999. El texto suministra una guía de métodos y técnicas del bioanálisis, así como de sistemas de detección de trazas de drogas, metabolitos y otras sustancias.

GENETIC RESOURCES OF MEDITERRANEAN PASTURE AND FORAGE LEGUMES. Bennett, S. ed: Kluwer Academic Publishers. 1999. Una revisión sobre la mejora de los pastos en áreas del mediterráneo usando leguminosas.

BIOASSAY METHODS IN NATURAL PRODUCT RESEARCH AND DRUG DEVELOPMENT. Bohlin, L.; Bruhn, J. ed: Kluwer. 1999.

GENETICA HUMANA. FUNDAMENTOS Y APLICACIONES EN MEDICINA. 2a edición. A.J. Solad. editorial médica panamericana. 1999.

MOLECULAR EVOLUTION. A PHYLOGENETIC APPROACH. Page R D M y Holmes E C. Blackwell Science. 1998. Interesante tratado sobre genética de poblaciones a nivel molecular, filogenias moleculares, árboles evolutivos moleculares.

AUDIOVISUALES

MICROBES IN MOTION II. Delisle, G.; Tomalty, L. ed: McGraw Hill. CD-ROM de microbiología general para estudiantes.

Para ello se establecen las siguientes normas:

- 1) Convocar las 12 bolsas de viaje (BV) de acuerdo con los objetivos establecidos para realizar cortas estancias en laboratorios o centros de investigación españoles.
- 2) Las B.V. consistirán en una cantidad fija y única de 50.000 pesetas destinada a cubrir parcialmente los gastos generados.
- 3) Para la priorización de las solicitudes se tomará en consideración los siguientes aspectos:
 - a) Estudiantes pre-doctorales y post-doctorales.

b) Relación del tema de estudio propuesto con un proyecto en el que participa la persona o grupo de trabajo solicitante.
- 4) Podrán presentar solicitudes los socios de la SEG y todos los investigadores que realicen sus actividades en los departamentos o unidades que contribuyen al programa de B.V. (ver anexo 1).
- 5) Las solicitudes se presentarán según impreso normalizado, adjuntando la siguiente documentación:
 - a) Memoria resumida del plan de estudio o trabajo a realizar (máximo dos hojas tamaño DIN A4 a dos espacios).
 - b) Certificación del director/responsable del grupo de investigación al que esté adscrito el solicitante, avalando la conveniencia del desplazamiento.
 - c) Certificación del director/responsable del grupo receptor, aceptando al candidato.
 - d) Curriculum vitae normalizado (impreso nº 3 CICYT o equivalente)
- 6) Las solicitudes para Julio-Diciembre 97, podrán presentarse hasta el 15 de Junio y para Enero-Junio 98 hasta el 30 de Noviembre de 1997.
- 7) La documentación deberá ser enviada al Dr. Mauro Santos. Secretario de la S.E.G. (Departament de Genética i Microbiologia, Facultat de Ciències. Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra, Barcelona)
- 8) La evaluación de las solicitudes será realizada por dos especialistas que someterán sus conclusiones a la J. D. de la SEG, que resolverá en función del total de solicitudes presentadas.

ANEXO 1

Relación de departamentos/unidades que contribuyen al programa de Bolsas de Viaje de la Sociedad Española de Genética.

1 Dr. Nicolás Jouve
Unidad de Genética

Departamento de Biología Celular y Genética
Universidad de Alcalá de Henares

- 2 Dr. Alfredo Ruiz
Unitat de Genética
Departament de Genética i Microbiologia
Universitat Autònoma de Barcelona
- 3 Dr. Jaume Baguñá Departament de Genética Universitat de Barcelona
- 4 Dra. M.J. Puertas Departamento de Genética Universidad Complutense de Madrid
- 5 Dr. José Ignacio Cubero Departamento de Genética ETSI Agrónomos Universidad de Córdoba
- 6 Dr. José-Luis Micol Unidad de Genética Universidad Miguel Hernández Elche
- 7 Dr. Alfonso Jiménez Sánchez Unidad de Genética Departamento de Bioquímica, Biología Molecular y Genética Universidad de Extremadura
- 8 Dr. Juan Pedro Martínez Departamento de Biología Animal, Ecología y Genética Universidad de Granada
- 9 Dr. Marcelino Pérez de la Vega Unidad de Genética Departamento de Ecología, Genética y Microbiología Universidad de León
- 10 Dr. Joan Ribera Departament de Ciències Mèdiques Bàsiques Universitat de Lleida Rovira Roure 44 26006 Lleida
- 11 Dra. Matilde Izaguirre Dept. Producció Vegetal ETS Enginyers Agrònoms Universitat de Lleida Rovira Roure 177 25198 Lleida
- 12 Dr. Francisco Murillo Unidad de Genética Departamento de Genética y Microbiología Universidad de Murcia
- 13 Dr. Arturo Pérez Eslava
Unidad de Genética
Departamento de Microbiología y Genética
Universidad de Salamanca
- 14 Dr. Josep Casadesus
Unidad de Genética
Departamento de Genética
Universidad de Sevilla
- 15 Dr. Andrés Moya
Departament de Genética
Universitat de Valencia
- 16 Dr. Juan Jiménez
Unidad de Genética
Departamento de Biología Celular y Genética
Universidad de Málaga

SOLICITUD DE INSCRIPCIÓN EN LA SEG

La solicitud de inscripción en la SEG, puede realizarse enviando la hoja de inscripción a Conchita Romero, Tesorera de la SEG, por correo electrónico (pilara@eucmax.sim.ucm.es), por fax (91 394 4844) o por correo ordinario (Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad Complutense, 28040 Madrid).

APELLIDOS Y NOMBRE:

TÍTULO:

PLAZA QUE OCUPA: Numerario Interino Contratado Becario.....

DIRECCIÓN:

Departamento

Centro Organismo.....

Calle/plaza Ciudad C.P.....

Teléfono Fax Correo electrónico.....

¿Desea estar incluido en el directorio electrónico de la SEG? Si / NO (táchese lo que proceda)

TIPO DE SOCIO: Numerario Becario Institucional.....

En el caso de inscribirse como becario se necesita prueba documental y firma del Director de Centro o Departamento:

Nombre del Director:

Firma:

Especialidad /área de investigación (incluir código UNESCO):

¿En qué sección se incluiría? (puede incluirse en varias)

Desarrollo Poblaciones y Evolución Citogenética Molecular

Mejora y Biotecnología Humana Mutagénesis y genotoxicidad

Otras (especificar)

Lugar, fecha y firma:

DATOS BANCARIOS

EJEMPLAR PARA LA S.E.G.

Cuenta (**20 dígitos**) Banco.....

Sucursal Dirección completa.....

EJEMPLAR PARA LA SUCURSAL BANCARIA

Sr. Director del Banco Agencia

Calle..... Población.....

Muy Sr. mío,

Le agradecería que con cargo a mi cuenta número (**20 dígitos**) haga efectivos los recibos que a mi nombre le sean presentados por la Sociedad Española de Genética.

Le saluda atentamente,

Firmado

NIF.....