

The logo for SEM 89 features a stylized graphic on the left consisting of several horizontal lines that curve upwards and to the right, resembling a fan or a set of wings. To the right of this graphic, the letters 'SEM' are written in a large, bold, outlined font, followed by the number '89' in a smaller, solid font.

PAMPLONA, 24 - 27 SEPTIEMBRE



**XII CONGRESO NACIONAL  
DE LA ASOCIACION ESPAÑOLA  
DE MICROBIOLOGIA**

VOLUMEN II

Resúmenes de Comunicaciones

## ADN «Archivado» en *Azotobacter vinelandii*

R. Maldonado, A. Garzón y J. Casadesús

Dep. Genética, Universidad de Sevilla, Ap. 1095, 41080. Sevilla

*Azotobacter vinelandii* es una bacteria gramnegativa, notoria por su capacidad para fijar nitrógeno atmosférico en vida libre y en condiciones de aerobiosis. Durante décadas, *Azotobacter* ha sido el organismo favorito de los bioquímicos para el estudio de la fijación de nitrógeno. En cambio, el análisis genético de *Azotobacter* nunca ha resultado fácil. Incluso el requisito previo al análisis genético —la obtención de mutantes— ha tropezado con dificultades. De hecho, algunos tipos de mutantes se aíslan fácilmente (ej. Nif<sup>-</sup>); otras clases se obtienen con gran dificultad y hay tipos de mutantes que no se aíslan nunca (ej. His<sup>-</sup>, Trp<sup>-</sup> y otras auxotrofías). Cuando, a finales de los años setenta, se descubrió que *A. vinelandii* es una bacteria poliploide con hasta 40 copias cromosómicas por célula, pareció claro que una de las causas que dificultaban la mutagénesis era la poliploidía.

Sin embargo, la introducción de la tecnología de transposones en *Azotobacter* ha planteado situaciones que son difíciles de conciliar con la poliploidía (ej. segregación rápida de hererocigotos en ausencia de doble selección). Estos datos han sugerido la existencia de inactivación genética (Contreras y Casadesús, Mol. Gen. Genet. 209: 276-282, 1987). Investigaciones posteriores han confirmado que *A. vinelandii*, aunque sea físicamente poliploide, tiene una dosis génica funcional semejante a la de *E. coli*. o *Salmonella*. Así se deduce (1) de las curvas de sensibilidad a UV; (2) del análisis de la expresión de mutaciones recesivas seleccionables, como *str*, *rif* y *nal*; (3) de los estudios de segregación en estirpes heterocigóticas. Además, el análisis físico (Southern) permite detectar alelos inactivados. Sin embargo, la hibridación del ADN inactivado suele ser débil y, en una misma estirpe, puede disminuir con el tiempo. Por ahora, no sabemos qué tipo de modificación de este ADN «archivado» puede dificultar su hibridación.