



Química Viva

E-ISSN: 1666-7948

quimicaviva@qb.fcen.uba.ar

Universidad de Buenos Aires
Argentina

Méndez, Beatriz S.
Del arte, los colores y la química
Química Viva, vol. 14, núm. 2, 2015, pp. 1-4
Universidad de Buenos Aires
Buenos Aires, Argentina

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=86340673001>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica

Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal

Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

Editorial

Del arte, los colores y la química

Beatriz S. Méndez

*Departamento de Química Biológica. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales.
Universidad de Buenos Aires. IQUIBICEN. CONICET. Buenos Aires. Argentina*

bea@qb.fcen.uba.ar

El color ha sido siempre importante para los humanos, y tal vez para todos los seres vivos. Del Paleolítico al presente, en diferentes atavíos alegró cuevas y habitaciones, jugó en las piedras de las catedrales y sedujo a las aves hembras, entre otras actividades.

Si bien los colores están en el cielo, las flores, las piedras y los metales, su sola contemplación no fue suficientemente satisfactoria para nuestros antecesores, que comenzaron a requerirlos para funciones típicamente humanas en el campo social, el artístico y el religioso. Es ahí donde empezó a jugar la química. Una de las primeras necesidades para satisfacer dichas funciones fue darle distinta coloración a las vestimentas, y así comenzó la asociación entre los colores y la industria textil. Las primeras evidencias de tejidos teñidos vinieron de Asia y África y luego esas prácticas se extendieron a Europa. Generalmente las tinturas se obtenían utilizando colorantes extraídos de las plantas. La tintura roja, preferida durante siglos hasta bien entrada la Edad Media, se preparaba a partir de la raíz de *Rubia tinctorum* y de otras especies similares. La amarilla provenía de pigmentos de cúrcuma o de especies de *Reseda*. El índigo, de color azul, se extraía de una hierba llamada glasto (M. Maier, comunicación personal). Fue muy popular en el norte de Europa ya que tanto germanos como celtas acostumbraban a utilizarlo para teñir no sólo la ropa sino también su cuerpo. Dicho color también se obtenía de *Indigofera tinctori*, arbusto de antiguo origen oriental llamado también índigo. El principio colorante, la indigotina, se halla en las hojas tanto del glasto como del índigo y de éstas se extraía el precursor soluble en agua. Este precursor, el indoxil, es incoloro y se oxida en presencia de aire para dar el colorante azul. Una forma muy fácil de preparar la tintura era tomar la solución de índigo y mezclarla con ácido tartárico y sulfato de sodio. Sin embargo otra tecnología más popular y barata consistía en disolver polvo de índigo en orina humana y al cabo de unas semanas se disponía del tinte para usar en los tejidos.

También hubo tinturas preparadas con pigmentos de origen animal. Una de las más famosas se fabricaba partir de un pigmento rojo obtenido de insectos pertenecientes a la especie *Dactylopius coccus* conocidos vulgarmente como grana cochinillas. El pigmento, llamado carmín, se utilizó como laca y como tintura.

Es de destacar que desde el segundo milenio a.C. los tejedores de los Andes en la América pre-colombina elaboraron pigmentos para el teñido de tejidos de calidad similar a la obtenida en Asia y África. Mediante técnicas de preparación parecidas a las ya descritas lograron colores que asociados a una altamente desarrollada artesanía textil generaron productos que sorprenden por su diseño y su belleza. Se puede observar un ejemplo en tejidos proveniente de la Cultura Nasca, civilización que tuvo lugar al sur de lo que es hoy Perú durante los siglos I al VII d.C [1]

Para usar en sus cuadros los pintores recurrían a otros compuestos, indudablemente menos olorosos, extraídos de piedras. Entre ellas el lapislázuli, cuyos yacimientos se encontraban en Oriente, Irán y Afganistán entre otros países. La extracción del pigmento azul puro era extremadamente difícil debido a la dureza de la piedra y al bajo contenido en colorante. En el Medioevo se desarrollaron procedimientos en base a cera e hipoclorito de sodio para eliminar las impurezas del lapislázuli. Este pigmento produce tonos azules hermosos y fue usado por pintores para poner en relieve la zona del cuadro a la que se quería dar más valor. Un ejemplo es el manto de la Virgen en “El Descendimiento de la Cruz” obra de Rogier van der Weyden que se encuentra en el Museo del Prado [2].

Por fin, a principio del siglo XVIII se obtuvo el primer pigmento sintético, el llamado Azul de Prusia, o sea el (hexacianoferrato (II) férrico) cuya fórmula es $Fe_4 [Fe (CN)_6]_3$. Como muchos de los experimentos exitosos sucedió por azar. En Berlín en el laboratorio de un tal Dippel se preparaban distintos compuestos químicos. Un fabricante de pigmentos a partir de fuentes naturales, Diesbach, se hallaba en el laboratorio tratando de obtener pigmentos rojos aplicando el procedimiento mencionado anteriormente a partir de cochinillas deshidratadas y en este caso usando $(SO_4)_2AlK$; CO_3K_2 y $(SO_4)_3Fe_2$. Al partir de una solución de carbonato de potasio que ignoraba que estaba contaminada con hexacianoferrato, Diesbach obtuvo, en presencia de hierro, un brillante precipitado azul en lugar del rojo esperado y no lo tiró (situación no común en los laboratorios). Había nacido el primer pigmento sintético. Lo que siguió fue una historia de secretos, pintores afortunados y comerciantes enriquecidos que involucró al mismísimo Leibnitz, según se deduce de su correspondencia, hasta que finalmente la fórmula se publicó y fue de uso común[3]. De ahí en más hacia principios del siglo XIX se sintetizaron diversos pigmentos para uso en pinturas artísticas, como el amarillo y el naranja cromo o los derivados de óxidos uno de cuyos primeros ejemplos fueron los rojos sintéticos que recibieron el nombre general de rojos de Marte.

El gran salto en la industria de los colorantes se dio a mediados del siglo XIX merced al desarrollo de la química orgánica, en parte debido al interés industrial en los productos derivados del carbón. Un subproducto de la gasificación del carbón es el alquitrán de hulla cuya destilación fraccionada da una serie de compuestos, entre ellos antraceno, benceno, tolueno y fenol. En ese contexto William Perkin, un joven inquieto, asistió a las clases que el gran químico alemán August Whilhem Hoffmann impartía en el Royal College of Chemistry en Londres. Perkin se convirtió en ayudante de Hoffmann y adquirió experiencia en el estudio de

compuestos derivados del alquitrán de hulla. Tal fue su interés en el tema que aprovechó sus vacaciones para realizar experimentos en un laboratorio que improvisó en su casa. Dentro de un proyecto general para sintetizar quinina a partir de naftaleno, después de algunos experimentos fallidos, Perkin substituyó el naftaleno por sulfato de anilina (derivada del benceno) que al tratarlo con dicromato de potasio produjo un inesperado precipitado negro (no lo tiró). En una extracción con metanol de ese precipitado detectó un compuesto de color malva. Interesado en el color lo probó como tintura en seda y tuvo éxito. Sólo tenía 17 años y había sintetizado la primera tintura sintética, patentada y fabricada industrialmente. Es de hacer notar que la anilina que utilizó estaba contaminada con toluidina y fue por la presencia de este contaminante que obtuvo un resultado exitoso ya que la mauveína, así llamada la tintura de color malva, es una mezcla de distintos compuestos aromáticos que incluye anilina y toluidinas [4].

Pareciera que el éxito acompaña a los que no tiran los precipitados y usan sustancias contaminadas.

De ahí en más, debido a la gran demanda de colorantes por la industria textil, también tuvo un crecimiento notorio la demanda de pigmentos sintéticos y la unión entre el arte y la química quedó definitivamente sellada. Hubo aun otra ayuda: **el acrílico**. Las pinturas acrílicas poseen tres grandes ventajas con respecto a las oleosas: la primera es que no requieren pre-tratamiento de sus soportes ya sea en telas o paredes (aunque sobre este último soporte hubo algunas experiencias fallidas); en segundo lugar, forman emulsiones con agua por lo cual se descarta el uso de sustancias oleosas que son potencialmente tóxicas; y por último está la característica más decisiva para su camino exitoso: la capacidad de secado rápido. Esta propiedad facilitó su uso en grandes cantidades, generalmente como pinturas comerciales, arrojadas en distintas combinaciones sobre superficies extensas de manera de resaltar el color y la textura. Dicha cualidad fue altamente apreciada en Estados Unidos durante el período post segunda guerra mundial dentro del movimiento que se llamó Expresionismo Abstracto y de otros similares. En ellos el color tuvo la primacía, al punto de despreciar la pincelada como se observa en la obra de Mark Rothko en la National Gallery of Art, Washington DC [5]

En Iberoamérica la química tiene un gran protagonismo en el estudio de las obras de arte realizadas durante el período hispánico. Pero no está sola. Una conjunción de historiadores, restauradores y químicos las analiza. Un ejemplo paradigmático de esta cooperación es el trabajo de restauración y de crítica histórica realizado sobre doce pinturas de Sibilas pertenecientes a una iglesia de Buenos Aires [6]. La restauración abarcó el estudio de marcos, bastidores, soportes de telas y técnicas pictóricas. Los estudios históricos, realizados con una aguda interpretación de abundante y exquisita bibliografía, nos informan sobre el rol religioso de las Sibilas en el campo de la plástica en Europa y el sentido que le dieron en América tanto el clero como la población. Por último la microscopía de barrido electrónico con espectroscopía de rayos X dispersiva en energías aplicada a las telas, permitió sugerir como pigmentos

nuestros viejos conocidos: índigo, Azul de Prusia y también lacas provenientes de probables cochinillas.

En este número de Química Viva , Marta S. Maier, que intervino en el trabajo ya conocido como “de las Sibilas”, nos ofrece su visión y sus resultados sobre esta apasionante y multidisciplinaria actividad

Referencias

Generales

Gage J (2001) Color y Cultura: la práctica y el significado del color de la antigüedad a la abstracción *Madrid: Siruela*

Pastoureau M (2010) Azul. Historia de un color *Barcelona: Paidós*

Theroux A (2013) Los colores primarios *Buenos Aires: La Bestia Equilátera*

Específicas

1. <http://www.precolombino.cl/coleccion/camisa-unku-8/>

2. <https://www.museodelprado.es/visita-el-museo/15-obras-maestras/ficha-obra/obra/el-descendimiento/>

3. **Kraft A** (2008) On the discovery and history of Prussian Blue *Bulletin for the history of chemistry* 33: 61-67

4. **Holm I** (2006) Sir William Henry Perkin: a review of his life, work and legacy *Coloration Technology* 122: 235-251

5. <http://www.nga.gov/content/ngaweb/Collection/art-object-page.67531.html>

6. **Barrio N, Burucúa J E, Marte F, Rodríguez Romero A** (2005) Las 12 Sibilas de la Parroquia San Pedro G. Telmo *San Martín: Universidad Nacional de Gral. San Martín*.

La autora es directora de Química Viva, profesora consulta e investigadora de CONICET



ISSN 1666-7948

www.quimicaviva.qb.fcen.uba.ar

Revista **QuímicaViva**

Número 2, año 14, Agosto 2015

quimicaviva@qb.fcen.uba.ar



Química Viva

E-ISSN: 1666-7948

quimicaviva@qb.fcen.uba.ar

Universidad de Buenos Aires
Argentina

Ferreiro, Diego Ulises; Sánchez, Ignacio Enrique
El pinball proteico
Química Viva, vol. 14, núm. 2, 2015, pp. 5-6
Universidad de Buenos Aires
Buenos Aires, Argentina

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=86340673002>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica

Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal

Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

El pinball proteico / The protein pinball

Diego Ulises Ferreiro e Ignacio Enrique Sánchez

*Laboratorio de fisiología proteica. Departamento de Química Biológica e IQUIBICEN-
CONICET. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires.
Buenos Aires, Argentina*

ferreiro@qb.fcen.uba.ar - isanchez@qb.fcen.uba.ar

Podemos citar arbitrariamente como origen de esta serie de perspectivas el XL congreso de la Sociedad Argentina de Biofísica, celebrado en 2011 en la ciudad de Buenos Aires. En la presentación del simposio “Métodos experimentales para el estudio del plegado de proteínas” del miércoles 7 de diciembre, el moderador Dr. José María Delfino hizo referencia a unos “jóvenes pitagóricos que mantienen reuniones algo secretas donde debaten temas proteicos con base en las matemáticas”. Tal vez como consecuencia de dicho comentario, el jueves 8 de diciembre se desarrolló como evento asociado al congreso un taller denominado “Pecha-Kucha proteico”. La convocatoria del Dr. Javier Santos decía lo siguiente: *Cada participante generará individual o colectivamente una Figura que integrará una idea que considere fundacional. El conjunto de Figuras se presentará usando estrictos 60 segundos por figura. Se incluirán también Figuras enviadas por investigadores de cuerpo ausente, estas podrán ser comentadas en vivo y llevarán una corta leyenda al pie. Envíe su figura ya.* El taller generó, entre otros resultados, la metáfora “las proteínas son como un pinball” (Figura 1) y la celebración de más conversaciones sobre proteínas en algunos lugares de Buenos Aires.



Figura 1. Pinball.

“Función” y “actividad” son dos conceptos tan borrosos como recurrentes en clases, artículos, libros y conversaciones informales sobre proteínas. ¿Será que una cosa es la actividad química de una proteína en un tubo de ensayo, y otra más escurridiza su función biológica? Decidimos tomar este tipo de preguntas como eje de una nueva discusión, que en este caso tuvo lugar por escrito. Se propuso a seis investigadores del campo de las ciencias exactas y un investigador del campo de las ciencias sociales escribir una breve actividad y función, planteada a través de una experiencia personal. Nuestra intención fue dar lugar a especulaciones, reflexiones y catarsis que no suelen tener lugar en los artículos de investigación pura, pero que igualmente contribuyen a la generación de nuevas ideas.

Como corresponde a un campo de investigación vivo, las seis perspectivas aquí reunidas son heterogéneas en tema y formato. Pablo Rodríguez, investigador en biopolítica, se atreve con el dogma central de la biología molecular. Diego Ferreiro retorna ¿eternamente? a las proteínas repetitivas. Patricio Craig, Sebastián Klinke y Hernán Bonomi se enfrentan a la función desconocida de uno o dos enzimas. Ignacio Sánchez trata de comprender cómo la destrucción de los atributos de una proteína puede construir conocimiento. Javier Santos supera la metáfora proteína=máquina y pone en contexto la actividad proteica. Esperamos que la lectura de estas piezas estimule la discrepancia y con ella el avance de la disciplina.

D.U.F. es profesor e investigador de CONICET, I.E.S. es investigador de CONICET



ISSN 1666-7948

www.quimicaviva.qb.fcen.uba.ar

Revista **QuímicaViva**

Número 2, año 14, Agosto 2015

quimicaviva@qb.fcen.uba.ar



Química Viva

E-ISSN: 1666-7948

quimicaviva@qb.fcen.uba.ar

Universidad de Buenos Aires
Argentina

Maier, Marta S.

Análisis químico del patrimonio cultural: aplicaciones y perspectivas

Química Viva, vol. 14, núm. 2, 2015, pp. 7-13

Universidad de Buenos Aires

Buenos Aires, Argentina

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=86340673003>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica

Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal

Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

Análisis químico del patrimonio cultural: aplicaciones y perspectivas

Marta S. Maier

*UMYMFOR – Departamento de Química Orgánica, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales,
Universidad de Buenos Aires. Buenos Aires, Argentina*

maier@qo.fcen.ba.ar

Resumen

Los estudios químicos de los materiales y sus procesos de degradación en bienes culturales han tenido un notable desarrollo en la última década, no sólo en museos e institutos de conservación sino particularmente en ámbitos académicos. En este trabajo se resume brevemente el estado del arte de estas investigaciones, las cuales se ilustran con algunos ejemplos del arte colonial sudamericano.

Palabras claves: patrimonio cultural, técnicas analíticas, arte colonial

Chemical analysis of cultural heritage: applications and perspectives

Abstract

Chemical studies on materials and their degradation reactions in cultural heritage objects have notably developed in the last decade in museums and conservation institutes, but particularly in the academic field. In this work, a brief state of the art of these investigations is presented with focus on South American colonial art studies.

Keywords: cultural heritage, analytical techniques, colonial art

Introducción

El estudio a nivel molecular de los materiales en bienes culturales es un campo de investigación apasionante y en creciente expansión a nivel internacional. Un conocimiento detallado de los materiales, tales como pigmentos, colorantes, aglutinantes y residuos en artefactos arqueológicos, brinda información relevante sobre las actividades humanas del pasado y la disponibilidad de recursos y habilidades tecnológicas de una sociedad [1-3]. El desarrollo de técnicas analíticas no invasivas o microdestructivas, como las espectroscopias vibracionales (Raman [4] e infrarrojo [5]) y la espectrometría de masa acoplada con métodos

cromatográficos [6], ha ampliado las posibilidades de caracterización de materiales inorgánicos y orgánicos contenidos en matrices complejas como, por ejemplo, las de una pintura de caballete o una escultura policromada. En los últimos años, el desarrollo de instrumentos portátiles (Raman, infrarrojo y de fluorescencia de rayos X) ha posibilitado la realización de análisis de manera no invasiva, es decir, sin la toma de muestra. Si bien estos instrumentos no poseen la misma sensibilidad de un equipo de mesada, son útiles para obtener rápidamente información preliminar sobre los materiales en la superficie de un objeto y como técnicas de prospección para la selección de los lugares de extracción de muestra, en el caso de que fuera necesario o posible [7]. Estos análisis no invasivos son particularmente importantes en el estudio de manuscritos antiguos [8].

En particular, resulta relevante el estudio de las reacciones de degradación de los materiales en bienes culturales, las cuales son el resultado de procesos complejos producidos por el transcurso del tiempo y por interacciones con el medio ambiente. La comprensión de estos procesos de deterioro es fundamental para el diseño de estrategias de conservación preventiva o al planificar la restauración de una obra de arte.

El estudio de materiales orgánicos en bienes culturales

Un desafío permanente en este campo de investigación es el análisis de materiales orgánicos, tales como colorantes, resinas, aceites, gomas vegetales y materiales proteicos de origen animal, en particular porque están constituidos por mezclas complejas de compuestos químicamente relacionados, los cuales son proclives a sufrir reacciones de oxidación e hidrólisis, en algunos casos catalizadas por los componentes inorgánicos con los que están en contacto. Los colorantes extraídos de plantas, insectos y moluscos son particularmente sensibles a la degradación. Estos productos naturales fueron extensamente utilizados en el teñido de textiles en combinación con sales aplicadas como mordientes, como el alumbre, y por precipitación sobre un sustrato inorgánico para formar lacas para su uso como pigmentos [9]. Las moléculas cromóforas, principalmente flavonoides, antraquinonas e indigoides son sensibles a la luz dando lugar a la decoloración. Estudios de fotodegradación de colorantes orgánicos en textiles han demostrado la influencia de la naturaleza del mordiente y su concentración en el proceso de decoloración [10].

Por otra parte, lípidos y proteínas sufren reacciones de degradación dependientes del microambiente que los contiene y de la interacción con ciertos pigmentos [11-13]. En los últimos años se han logrado avances importantes en el desarrollo de metodologías adecuadas para la caracterización de aglutinantes de pigmentos en obras de arte [14]. Estos estudios se han extendido también al campo de la arqueología, en particular a la identificación de residuos orgánicos conteniendo lípidos en asociación con cerámicas. Los compuestos orgánicos sobreviven generalmente como residuos superficiales en el interior de la cerámica o absorbidos en las paredes de un recipiente utilizado para la cocción de alimentos, siendo preservados en la arcilla luego de la deposición del artefacto [15]. La cerámica, como matriz mineral, ofrece un

ambiente apropiado para la protección de los lípidos y se presume que la fracción de moléculas que sobrevive está protegida en poros de tamaño molecular dentro de la microestructura de la arcilla impidiendo el acceso a microorganismos y sus enzimas extracelulares. Una prueba de ello es la identificación de mezclas de triglicéridos y sus derivados (mono- y diglicéridos y ácidos grasos libres) en residuos de lípidos en cerámicas antiguas [16].

Generalmente, el análisis de materiales en bienes culturales requiere de la aplicación de una combinación de técnicas analíticas. Las espectroscopias infrarroja y Raman acopladas a microscopía óptica brindan información sobre componentes inorgánicos y clases de materiales orgánicos. Para determinar la composición de mezclas complejas de compuestos orgánicos, la espectrometría de masa es una herramienta esencial. Las técnicas de inyección directa no requieren de una preparación previa de la muestra, son exactas, reproducibles, altamente sensibles y consumen menos tiempo que otros métodos brindando una información rápida sobre el tipo de compuestos presentes [17]. La ionización por impacto electrónico (EI), electrospray (ESI) y desorción/ionización por laser asistida por una matriz (MALDI) son las más utilizadas [18]. El acoplamiento de la espectrometría de masa con la cromatografía gaseosa y la cromatografía líquida de alta resolución ha contribuido al análisis de colorantes orgánicos y mezclas complejas, en particular de lípidos y aglutinantes proteicos en pinturas [19] y en residuos arqueológicos [20].

Recientemente se han optimizado metodologías de análisis innovadoras utilizando herramientas quimiométricas, como el análisis por componentes principales aplicado a datos de espectroscopia infrarroja y Raman y de espectrometría de masa. Esto ha facilitado la extracción de información a partir de los datos espectroscópicos y posibilitado una caracterización más completa de mezclas de materiales orgánicos y sus productos de degradación [21].

Los materiales en el arte colonial

El estudio de los materiales y técnicas artísticas en la pintura y escultura colonial de los siglos XVI-XVIII es un campo muy interesante de abordar, fundamentalmente por lo poco que se conoce en base a estudios químicos fehacientes. Si bien algunos de estos materiales fueron importados de Europa, en muchos casos se utilizaron pigmentos y aglutinantes de origen local, como por ejemplo minerales extraídos de la Cordillera de los Andes y colorantes orgánicos obtenidos a partir de vegetales y animales autóctonos, los cuales eran conocidos y utilizados desde épocas anteriores a la conquista española [22]. El carmín, extraído de las hembras del insecto *Dactylopius coccus* (cochinilla), se ha identificado no sólo en textiles precolombinos, como los de la cultura Huari [23], sino como pigmento en forma de laca roja en varias pinturas producidas en los talleres cuzqueños, como las de ángeles arcabuceros o las que refieren a la vida de Santa Catalina de Siena en el convento homónimo en la ciudad de Córdoba [24]. Por otra parte, la caracterización de la técnica de aplicación de los pigmentos azules azurita, índigo, esmalte y azul de Prusia en algunas de estas pinturas nos demuestran el conocimiento y la habilidad de los artistas sudamericanos en la ejecución de las obras [25]. Un caso emblemático

del arte colonial es el de la Virgen de Copacabana, escultura policromada y dorada que se encuentra en el Santuario a orillas del Lago Titicaca en Bolivia. Esta escultura fue realizada en maguay y tela engomada por el indio Francisco Tito Yupanqui en 1582. La identificación de atacamita, un mineral del grupo de los cloruros básicos de cobre, como pigmento verde en el velo de la Virgen constituye el primer registro del uso de este mineral en una obra colonial [26]. Destaca, además, la técnica del dorado de la escultura en la cual se aplicó sobre una base de una arcilla rica en hematita, una fina capa de oro y sobre ésta, una capa de blanco de plomo (carbonato básico de plomo) y a continuación la atacamita como pigmento (Fig. 1). El posterior esgrafiado de la capa verde deja en evidencia el oro subyacente.

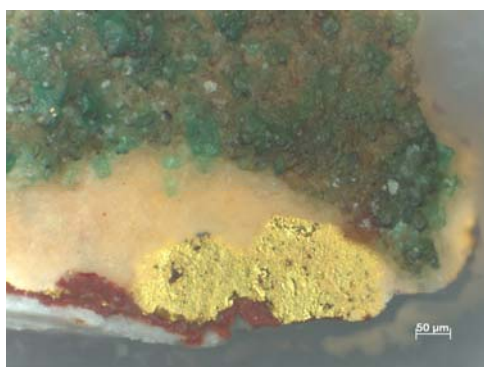


Figura 1. Muestra extraída del velo de la imagen de la Virgen de Copacabana en donde se aprecian los cristales verdes del pigmento atacamita y la técnica del dorado de la escultura [26].

Otro ejemplo sobre la importancia de la identificación de los materiales en obras de arte es el de la serie de las Sibilas que se encuentra en la Iglesia de San Pedro Telmo en la ciudad de Buenos Aires. Este conjunto de doce pinturas, diez de las cuales fueron realizadas en el siglo XVIII y las dos restantes en el siglo XIX, abría interrogantes respecto de su origen (español o cuzqueño), su manufactura y sus procesos de deterioro. La identificación del pigmento rojo del manto de la Sibila Samia (Fig. 2) confirmó, junto con otros elementos, el origen español de la pintura. El pigmento rojo, muy decolorado, es una laca roja a base de alizarina y purpurina, colorantes antraquinónicos presentes en las raíces de *Rubia tinctorum* [27]. El colorante de esta planta había sido utilizado profusamente en la tinción de textiles y como laca roja en pinturas en Europa.



Figura 2. Pintura al óleo de la Sibila Samia en donde se indican los códigos de las muestras extraídas para la identificación de los pigmentos [27].

Conclusiones

El estudio químico del patrimonio cultural es un área de investigación que abre nuevas perspectivas y desafíos. Estos se centran actualmente en el desarrollo de nuevas metodologías y equipamiento para la identificación de mezclas complejas de materiales y el estudio de sus procesos de deterioro. Sin embargo, estos estudios requieren de un trabajo interdisciplinario entre investigadores de distintas áreas en el marco de una filosofía de trabajo que trascienda la mera materialidad de las obras y que posibilite una discusión profunda y enriquecedora entre distintas disciplinas, tales como las ciencias naturales, la arqueología y la historia del arte.

Referencias

1. Brunetti B, Sgamellotti A, Clark AJ (2010) Advanced techniques in art conservation *Accounts of Chemical Research* 43: 693-694.
2. Mazzeo R, Roda A, Prati S (2011) Analytical chemistry for cultural heritage: a key discipline in conservation research *Analytical and Bioanalytical Chemistry* 399: 2885–2887.
3. Evershed RP (2008) Organic residue analysis in archaeology: the archaeological biomarker revolution *Archaeometry* 50: 895-924.
4. Edwards H, Chambers JM, Barnett NW (2005) Raman Spectroscopy in Archaeology and Art History UK: RSC
5. Derrick M, Stulik D, Landry JM (1999) Infrared Spectroscopy in Science Conservation USA: *The Getty Conservation Institute*
6. Colombini MP, Modugno F (2009) Organic Mass Spectrometry in Art and Archaeology UK: J. Wiley & Sons.

7. **Miliani C, Rosi F, Brunetti B, Sgamellotti A** (2010) In situ noninvasive study of works of art: the MOLAB multitechnique approach *Accounts of Chemical Research* 43: 728-738.
8. **Schütz R, Bertinetti I, Rabin I, Fratzi P, Masic A** (2013) Quantifying degradation of collagen in ancient manuscripts: the case of the Dead Sea Temple Scroll *Analyst* 43: 5594-5599 (2013)
9. **Cardon D** (2007) *Natural Dyes UK : Archetype Publications.*
10. **Manhita A, Ferreira V, Vargas H, Ribeiro I, Candeias A, Teixeira D, Ferreira T, Barrocas Dias C** (2011) Enlightening the influence of mordant, dyeing technique and photodegradation on the colour hue of textiles dyed with madder – A chromatographic and spectrometric approach *Microchemical Journal* 98: 82-90.
11. **Ropret P, Zoubek R, Sever Skapin A, Bukovec P** (2007) Effects of ageing on different binders for retouching and on some binder-pigment combinations used for restoration of wall paintings *Materials Characterization* 58: 1148-1159.
12. **Manzano E, Romero-Pastor J, Navas N, Rodríguez-Simón LR, Cardell C** (2010) A study of the interaction between rabbit glue binder and blue copper pigment under UV radiation: a spectroscopic and PCA approach *Vibrational Spectroscopy* 53: 260-268.
13. **Cotte M, Checroun E, Susini J, Walter P** (2007) Micro-analytical study of interactions between oil and lead compounds in paintings *Applied Physics A* 89: 841-848.
14. **Doménech Carbó MT** (2008) Novel analytical methods for characterizing binding media and protective coatings in artworks *Analytica Chimica Acta* 621: 109-139.
15. **Evershed RP** (2008) Experimental approaches to the interpretation of absorbed organic residues in archaeological ceramics *World Archaeology* 40: 26-47.
16. **Lantos I, Spangenberg JE, Giovannetti MA, Ratto N, Maier MS** (2015) Maize consumption in pre-Hispanic south central Andes: chemical and microscopic evidence from organic residues in archaeological pottery from western Tinogasta (Catamarca, Argentina) *Journal of Archaeological Science* 55: 83-99.
17. **van der Brink OF, Ferreira ESB, van der Horst J, Boon JJ** (2009) A direct-temperature-resolved mass spectrometry study of cholesterol oxidation products in light-aged egg tempera paints with examples from works of art *International Journal of Mass Spectrometry* 284: 12-21.
18. **van der Werf ID, Calvano CD, Palmisano F, Sabbatini L** (2012) A simple protocol for Matrix Assisted Laser Desorption Ionization-time of flight-mass spectrometry (MALDI-TOF-MS) analysis of lipids and proteins in single microsamples of paintings *Analytica Chimica Acta* 718: 1-10.
19. **Leo G, Cartechini L, Pucci P, Sgamellotti A, Marino G, Birolo L** (2009) Proteomic strategies for the identification of proteinaceous binders in paintings *Analytical and Bioanalytical Chemistry* 395: 2269-2280.
20. **Stevens Jr. SM, Wolverton S, Venables B, Barker A, Seeley KW, Adhikari P** (2010) Evaluation of microwave-assisted enzymatic digestion and tandem mass spectrometry for the identification of protein residues from an inorganic solid matrix: implications in archaeological research *Analytical and Bioanalytical Chemistry* 396: 1491-1499.
21. **Manzano E, García-Atero J, Domínguez-Vidal A, Ayora-Cañada MJ, Capitán-Vlaavey LF, Navas N** (2012) Discrimination of aged mixtures of lipidic paint binders by raman spectroscopy and chemometrics *Journal of Raman Spectroscopy* 43: 781-786.
22. **Siracusano G** (2005) El poder de los colores. De lo material a lo simbólico en las prácticas culturales andinas. Siglos XVI a XVIII *Argentina: Fondo de Cultura Económica*
23. **Gómez Romero BA** (2014) Aplicación de técnicas analíticas y espectroscópicas para el estudio de la influencia de colorantes orgánicos naturales en la degradación de matrices complejas. Caracterización de materiales en arte colonial y patrimonio arqueológico. *Tesis Doctoral. FCEN (UBA).*

24. **Seldes AM, Burucúa JE, Maier MS, Abad G, Jáuregui A, Siracusano G** (1999) Blue pigments in South American painting (1610-1780) *Journal of the American Institute for Conservation* 38: 100-123.
25. **Seldes A, Abad, G, Maier MS** (1998) Composición química de las capas de pintura. *Una serie de pinturas cuzqueñas de Santa Catalina: historia, restauración y química. Fundación Tarea: 37-52*
26. **Tomasini EP, Rúa Landa C, Siracusano G, Maier MS** (2013) Atacamite as a natural pigment in a South American colonial polychrome sculpture from the late XVI century *Journal of Raman Spectroscopy* 44: 637-642.
27. **Marte F, Careaga VP, Mastrangelo N, de Faria DLA, Maier MS** (2014) The Sybils from the church of San Pedro Telmo: a micro-Raman spectroscopic investigation *Journal of Raman Spectroscopy* 45: 1046-1051.

La autora es profesora e investigadora de CONICET



ISSN 1666-7948

www.quimicaviva.qb.fcen.uba.ar

Revista **QuímicaViva**

Número 2, año 14, Agosto 2015

quimicaviva@qb.fcen.uba.ar



Química Viva

E-ISSN: 1666-7948

quimicaviva@qb.fcen.uba.ar

Universidad de Buenos Aires
Argentina

Santos, Javier

¿Sistemas activos?

Química Viva, vol. 14, núm. 2, 2015, pp. 14-20

Universidad de Buenos Aires

Buenos Aires, Argentina

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=86340673004>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica

Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal

Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

¿Sistemas activos?

Javier Santos

*IQUIFIB (CONICET). Departamento de Química Biológica, Facultad de Farmacia y Bioquímica.
Universidad de Buenos Aires. Buenos Aires, Argentina*

javiersantosw@gmail.com

Recibido 05/05/2015-Aceptado 06/05/2015

Resumen

Los sistemas biológicos presentan propiedades que dependen del conjunto de las partes y de sus interacciones. En este trabajo, se discute la importancia del contexto biológico y el significado del término actividad asociado al contexto. Así, una misma cadena polipeptídica puede codificar actividades diversas e incluso, en algunos casos, completamente contrapuestas. Se hace foco en el caso de la tioredoxina (TRX) como modelo de proteína multiuso y se intenta mostrar cómo su actividad (por ejemplo, asociada a la polimerasa T7, actividad oxidoreductasa, o a la actividad proinflamatoria, entre muchas otras) depende completamente del resto de los componentes del sistema, de la estructura de este último y del grado de control metabólico que ejerce la TRX. Por último, proponemos discutir estas ideas no como conceptos fijos e inmóviles sino más bien como puntos de partida de ideas nuevas y superadoras.

Palabras clave: actividad biológica, tioredoxina, sistemas biológicos, contexto biológico, estructura.

Active systems?

Abstract

Biological systems exhibit properties that depend on the whole of parts and their interactions. In this work, it is discussed the importance of the biological context and the meaning of biological activity. A single polypeptide chain may encode various activities and even, in some cases, completely opposed activities. I focus on thioredoxin (TRX) as a model of a multitasking protein. Remarkably, TRX activities (e.g. associated with the T7 polymerase oxidoreductase activity, or pro inflammatory activity, among many others) completely depend on the rest of the components of the system and its structure, and also depend on the degree of the metabolic control that this protein exercises. Finally, I propose to discuss these ideas not as fixed and immobile but rather as starting points for new ideas and concepts.

Keywords: biological activity, thioredoxin, biological systems, biological context, structure.

“Podemos ver el correr tumultuoso de las aguas de un río que de continuo se penetran y funden entre sí. Pero para coger, para captar esa corriente no podríamos sino helar las aguas y tomar los bloques sólidos. Y en ese momento habríamos matado la corriente, el objeto de nuestro intento habría desaparecido. Aprehender la realidad en conceptos fijos, inmóviles, es como helar la corriente del río, matar la realidad”
Sobre ideas de HERÁCLITO (siglo V a.C)

Máquinas y Sistemas

Las máquinas fabricadas por nosotros funcionan y, muchas veces, en general cuando más las necesitamos, dejan de hacerlo. Las máquinas son sistemas formados por partes o módulos. Cuando una máquina deja de funcionar la parte dañada puede reemplazarse por otra. En una máquina, cada parte cumple uno o más roles (actividades, funciones). ¿Pero cuando una parte se daña, quién deja de funcionar? ¿Lo hace la máquina o la parte? Esta pregunta es interesante porque nos remite a pensar en la función de la máquina como una propiedad emergente del sistema y no como una propiedad de un módulo en particular. Parecería que el término función entonces más bien se aplica a sistemas. La función de la máquina en un caso extremo podría depender de todos los elementos del sistema^A.

Los seres vivos son seres vivos y no máquinas (las máquinas cuando se rompen pueden arreglarse mientras que los seres vivos, una vez que mueren, no pueden revivir). Así, desde un punto de vista biológico, no me parece muy relevante preguntarme si los organismos vivos funcionan o no. Las proteínas o cualquier otro subconjunto de macromoléculas que forman parte de los seres vivos tampoco son máquinas en un sentido estricto. Podemos encontrar algunas similitudes, sin embargo una de las diferencias más significativas es que sobre los organismos y las macromoléculas que los componen ha operado la evolución biológica.

¿Sistemas que Funcionan?

Los organismos vivos *no son máquinas*. Sin embargo, sí son sistemas (biológicos) complejos formados por numerosos módulos y como tales presentan propiedades que dependen del conjunto de las partes y de su interacción. Es cierto que nosotros somos capaces de generar máquinas con componentes biológicos que pueden hacer exactamente lo que nosotros queremos (mejor dicho, casi exactamente). Así, dependiendo del contexto, la palabra **funciona** (que podría ser más propia de un ingeniero o biotecnólogo) va bien. ¿Funciona el test para la detección de fenilalanina? ¿Funciona la DNA polimerasa a 72°C? ¿Funciona el riñón artificial? Pero es importante notar que lo que funciona sigue siendo el sistema. En el segundo caso, la máquina es la polimerasa y su sustrato en un contexto.

^A Algunos elementos pueden ejercer más control que otros sobre la función. El control en algunos casos podría ser prácticamente nulo, dependiendo de la estructura del sistema.

Contexto Biológico y Actividad^B

Una vía metabólica consta de ciertos componentes como una fuente o sustrato, una serie de enzimas que son, por lo general, proteínas con actividad catalítica y metabolitos intermediarios. En este caso, podemos preguntarnos si la vía es activa en una condición metabólica dada o no. Es decir: ¿existe un flujo metabólico? Si existe, la vía entonces es activa y cada una de las enzimas que conforman la vía también lo es.

Como los sistemas biológicos son sistemas dinámicos y fuera del equilibrio, las variables tiempo y espacio son claves. Así, los factores espaciales y temporales parecen definir cambios radicales en las actividades de cada proteína particular^C. Por lo general, en un sistema biológico una proteína puede presentar varias actividades. Algunas proteínas parecerían ser multiuso, mientras que otras, parecerían ser relativamente especializadas. Para estas últimas se han detectado por el momento una o unas pocas actividades^D.

La Tiorredoxina (TRX) de *Escherichia coli*

Uno podría preguntarse si para albergar muchas actividades una proteína debe ser *estructuralmente especial*, por ejemplo, si debe ser de gran tamaño, o si la proteína debe ser más bien rígida o quizá si fuese maleable, con regiones más móviles, podría incluir mayor número de actividades en el contexto celular, entre otras posibilidades.

Podemos tomar a la TRX como ejemplo. Esta proteína es relativamente pequeña (108 aminoácidos) muy estable ($\Delta G^{\circ}_{\text{NU H}_2\text{O}} = 8.0$ kcal/mol, *in vitro*), globular, compacta ($R_g = 17.9 \pm 0.5$ Å) y bastante rígida (a juzgar por resultados de experimentos de NMR (resonancia nuclear magnética) y por simulaciones de la dinámica molecular, en una escala de tiempo muy amplia que va desde los ps-ns hasta los μs -ms). Tiene una topología distintiva α/β [1-3].

En bacterias, la TRX participa en diversas reacciones redox vía la oxidación reversible del centro activo formado por la secuencia Cys-Gly-Pro-Cys. Esta actividad es fundamental en la regulación del ambiente redox intracelular, el crecimiento celular y en el ciclo celular.

La TRX dona electrones a enzimas como la ribonucleótido reductasa (RNR), una enzima dependiente de hierro que cataliza la formación de desoxirribonucleótidos a partir de ribonucleótidos.

Por otro lado, la TRX es crucial en la resistencia al estrés oxidativo, como parte del sistema TRX [4]. Este sistema está compuesto en la mayoría de los organismos por tres enzimas que

^B Si podemos definir proceso proteico como cualquier tipo de proceso en el que participen proteínas, entonces podemos definir actividad como uno de esos procesos asociado a la cadena polipeptídica.

^C Una proteína: el producto dinámico de la expresión de un gen particular, incluyendo *splicing* alternativo, modificaciones postraduccionales, diversidad de subestados conformacionales, rearrreglos a nivel de la estructura cuaternaria, envejecimiento químico (deamidación, oxidación, autoproteólisis, entre otros procesos).

^D ¿Será que en algunos casos aún no fuimos capaces de detectar otras de las actividades?

se acoplan en una secuencia de reacciones que emplea NADPH como reductor del peróxido de hidrógeno, hidroperóxidos orgánicos y ácido peroxinitroso. El sistema está compuesto, en el extremo reductor, por una tiorredoxinareductasa (TR), una flavoenzima dependiente de NADPH [5]. El extremo oxidante a su vez está compuesto por una de varias peroxidases dependiente de tioles, generalmente una peroxirredoxina (PRDX), capaz de reducir oxidantes con el grupo *funcional* ROOH [6]. Como vínculo entre ambos extremos está la TRX, una oxidorreductasa. En el sistema de nuestro interés, TRX acepta electrones de la TR y los cede a la PRDX haciendo que la vía completa se comporte como una **NADPH peroxidasa**. No obstante, la TRX actúa habitualmente como un centro de distribución de equivalentes de reducción, que tiene diversas interacciones específicas que incluyen como se mencionó más arriba varias actividades diferentes de la puramente antioxidante de la vía TR-TRX-PRDX.

La TRX en *E. coli* es también una subunidad del complejo DNA polimerasa del bacteriófago T7. Es importante notar que en este caso no se requiere la actividad redox dependiente de tioles. La TRX es esencial para la replicación del DNA del fago (vale la pena recordar: los bacteriófagos son virus bacterianos, siendo los organismos más numerosos sobre la tierra) [7-10].

La TRX humana, otras actividades

La tiorredoxina humana (hTRX) reduce puentes disulfuro en proteínas específicas, y esta actividad es fundamental en la modulación de ciertas vías de señalización intra y extracelulares a través de la inducción de factores de transcripción tales como p53 y NF-κB que regulan aspectos del crecimiento celular. Asimismo, la actividad TRX está aumentada en una importante variedad de tumores humanos. El incremento de TRX se asocia con la inhibición de la apoptosis, la promoción de la proliferación celular y el crecimiento tumoral agresivo. La hTRX posee actividad anti estrés oxidativo y propiedades antiinflamatorias. Por el contrario, la forma truncada (hTRX-80) tiene actividad proinflamatoria y potencia la diferenciación de macrófagos, presentando efectos aterogénicos en las enfermedades cardiovasculares [11-14].

Así una misma cadena polipeptídica puede codificar actividades diversas y en casos como este completamente contrapuestas.

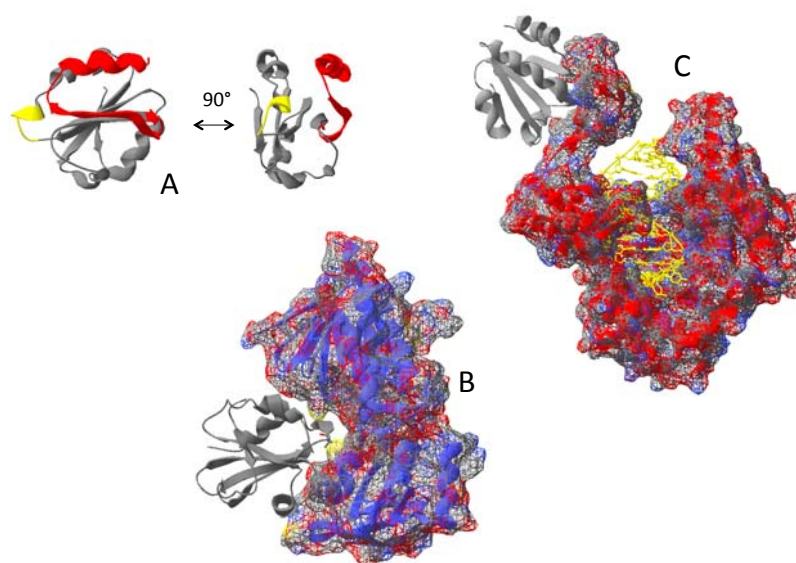


Figura 1. Distintos contextos biológicos, distintas actividades proteicas. En el **panel A** se muestra a la hTRX (PDB ID: 4TRX) cuya estructura es prácticamente superponible con la estructura de la TRX bacteriana (PDB ID: 2TRX). En amarillo se muestra la región del sitio activo redox, que incluye a las cisteínas 32 y 35. En rojo los residuos 80-105. Este segmento está ausente en la variante hTRX-80. En el **panel B** se muestra a la TRX de *E. coli* (representación de cintas en color gris) formando un complejo con la tiorredoxinareductasa (modelo de cintas en color azul) (PDB ID: 1F6M). En el **panel C** se muestra a la TRX de *E. coli* (en color gris) formando un complejo de síntesis de DNA con la polimerasa del bacteriofago T7 (PDB ID: 1T7P), en amarillo un ácido nucleico (DNA) que forma parte del complejo ternario de síntesis.

Algunas Conclusiones

En el caso de la TRX parece quedar aclarado que la actividad TRX depende muy significativamente del contexto biológico en el que se encuentre.

El tipo de proceso proteico (actividad biológica) asociado a la cadena polipeptídica, a su estructura y a su dinámica depende del tipo de compartimentalización y del estado metabólico celular.

En otras palabras, la actividad depende también de resto de los componentes del sistema, de la estructura de este último y del grado de control que ejerza la proteína en cuestión, en relación con cada una de las actividades proteicas que en algunos casos pueden ser enzimáticas.

Por último vale la pena subrayar que las definiciones dadas aquí son precarias y que para nada intentan imponer ideas. Simplemente forman parte de uno de los tantos puntos de vista, y parafraseando a Heráclito nuevamente, aprehender la realidad en conceptos fijos, e inmóviles, a veces puede no ser lo mejor.

Agradecimientos

Se agradece especialmente al Dr. Gerardo Ferrer-Sueta, al Dr. Bruno Manta y al Dr. José María Delfino. Se agradece También a ANPCyT, UBACyT y CONICET por posibilitar el estudio de la estructura y la actividad biológica de proteínas.

Referencias

1. **Binolfi A, Fernández CO, Sica MP, Delfino JM, Santos J** (2012) Recognition between a short unstructured peptide and a partially folded fragment leads to the thioredoxin fold sharing native-like dynamics *Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics* 80: 1448-1464.
2. **Santos J, Marino-Buslje C, Kleinman C, Ermácora MR, Delfino JM** (2007) Consolidation of the thioredoxin fold by peptide recognition: interaction between E. coli thioredoxin fragments 1-93 and 94-108 *Biochemistry* 46: 5148-5159.
3. **Stone MJ, Chandrasekhar K, Holmgren A, Wright PE, Dyson HJ** (1993) Comparison of backbone and tryptophan side-chain dynamics of reduced and oxidized Escherichia coli thioredoxin using nitrogen-15 NMR relaxation measurements *Biochemistry* 32: 426-435.
4. **Lu J, Holmgren A** (2014) The thioredoxin antioxidant system *Free Radical Biology and Medicine* 66: 75-87.
5. **Pillay CS, Hofmeyr JHS, Rohwer JM** (2011) The logic of kinetic regulation in the thioredoxin system. *BMC systems biology* 5: 15.
6. **Ferrer-Sueta G, Manta B, Botti H, Radi R, Trujillo M, Denicola, A** (2011) Factors affecting protein thiol reactivity and specificity in peroxide reduction *Chemical research in toxicology* 24: 434-450.
7. **Akabayov B, Akabayov SR, Lee SJ, Tabor S, Kulczyk AW, Richardson CC** (2010) Conformational dynamics of bacteriophage T7 DNA polymerase and its processivity factor, Escherichia coli thioredoxin *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 107: 15033-15038.
8. **Chiu J, Tillett D, March PE** (2006) Mutation of Phe102 to Ser in the carboxyl terminal helix of Escherichia coli thioredoxin affects the stability and processivity of T7 DNA polymerase. *Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics* 64: 477-485.
9. **Ghosh S, Hamdan S M, Cook TE, Richardson CC** (2008) Interactions of Escherichia coli thioredoxin, the processivity factor, with bacteriophage T7 DNA polymerase and helicase *Journal of Biological Chemistry* 283: 32077-32084.
10. **Himawan JS, Richardson C C** (1996) Amino acid residues critical for the interaction between bacteriophage T7 DNA polymerase and Escherichia coli thioredoxin *Journal of Biological Chemistry* 271:19999-20008.
11. **Lee S, Kim SM, Lee RT** (2013) Thioredoxin and thioredoxin target proteins: from molecular mechanisms to functional significance *Antioxidants & redox signaling*, 18: 1165-1207.
12. **Mahmood DFD, Abderrazak A, El Hadri K, Simmet T, Rouis M** (2013) The thioredoxin system as a therapeutic target in human health and disease *Antioxidants & redox signaling* 19: 1266-1303.
13. **Spindel ON, Berk BC** (2011) Thioredoxin-Interacting Protein Mediates TRX1 Translocation to the Plasma Membrane in Response to Tumor Necrosis Factor- α A Key Mechanism for Vascular Endothelial Growth Factor Receptor-2 Transactivation by Reactive Oxygen Species *Arteriosclerosis, thrombosis, and vascular biology* 31: 1890-1897.
14. **Zhou J, Chng WJ** (2013) Roles of thioredoxin binding protein (TXNIP) in oxidative stress, apoptosis and cancer *Mitochondrion* 13 :163-169

El autor es investigador de CONICET



ISSN 1666-7948

www.quimicaviva.qb.fcen.uba.ar

Revista **QuímicaViva**

Número 2, año 14, Agosto 2015

quimicaviva@qb.fcen.uba.ar



Química Viva

E-ISSN: 1666-7948

quimicaviva@qb.fcen.uba.ar

Universidad de Buenos Aires
Argentina

Sánchez, Ignacio Enrique

Disfunción, actividad y disactividad proteica: estudios de la proteína E7 del virus del papiloma mediante biología molecular reversa

Química Viva, vol. 14, núm. 2, 2015, pp. 21-25

Universidad de Buenos Aires

Buenos Aires, Argentina

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=86340673005>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica

Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal

Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

Disfunción, actividad y disactividad proteica: estudios de la proteína E7 del virus del papiloma mediante biología molecular reversa

Ignacio Enrique Sánchez

Laboratorio de fisiología proteica, Departamento de Química Biológica, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. IQUIBICEN-CONICET. Buenos Aires, Argentina

isanchez@qb.fcen.uba.ar

Recibido 26/05/2015 -Aceptado 10/06/2015

Resumen

Reviso algunos conceptos aplicados a las proteínas en investigaciones biológicas de distintas escalas, tomando como ejemplo a la proteína E7 del virus del papiloma. Discuto los conceptos tradicionales de actividad y función (llamada más adecuadamente disfunción) junto con los conceptos complementarios de proceso y disactividad. Mientras que actividad y proceso son definiciones positivas, disfunción y disactividad son definiciones negativas. A continuación uso estas cuatro definiciones para discutir los métodos de trabajo de la fisiología, la biología molecular/celular, la bioquímica/biofísica y la biología de sistemas. Propongo que la biología molecular directa parte de los procesos para investigar hacia las disfunciones, actividades y disactividades. De manera complementaria, se puede definir la biología molecular reversa como una investigación que parte de las disactividades para progresar hacia las actividades, disfunciones y finalmente los procesos.

Palabras clave: disfunción, disactividad, biología molecular reversa

Protein dysfunction, activity and dysactivity: studies on the the papillomavirus E7 protein by means of reverse molecular biology

Abstract

I review several concepts commonly applied to proteins in biological research at various scales, using the papillomavirus E7 protein as an example. I discuss the traditional concepts of activity and function (more accurately termed dysfunction), together with the complementary concepts of process and disactivity. While process and activity are positive definitions, dysfunction and dysactivity are negative definitions. Next, I use these four definitions to discuss the research approaches of physiology, molecular/cell biology, biochemistry/biophysics and systems biology. I propose that direct molecular biology takes processes as a starting point to do research towards dysfunctions, activities and dysactivities. In a complementary manner, I can define

reverse molecular biology as a research that takes dysactivities as a starting point and progresses towards activities, dysfunctions and, finally, processes.

Keywords: dysfunction, dysactivity, reverses molecular biology

La función proteica no existe (la disfunción proteica sí)

¿Por dónde comienza entonces la investigación? Los seres humanos observamos que los seres vivos están involucrados en **procesos**. Por ejemplo, una partícula del virus del papiloma infecta una célula y se reproduce [1] (Tabla 1). Podemos estudiar las relaciones entre *input* (variables genéticas y ambientales) y *output* (observables clínicas o evolutivas) en el proceso de infección del **sistema** virus-célula, lo cual suele llamarse **fisiología**. En paralelo, también se puede adoptar el **reduccionismo** y tratar de aislar e identificar los componentes del sistema virus-célula involucrados en el proceso de infección. Un experimento muy habitual sería sacarle un gen al virus (por ejemplo, E7) y observar si el proceso de infección se ve alterado o tal vez desaparece. Si eso ocurre, se suele decir que la función de la proteína codificada por el gen E7 (que podemos llamar E7) es la infección de la célula hospedadora. ¡Error! En primer lugar, la infección es una propiedad del sistema virus-célula y no de la proteína. En segundo lugar, el experimento por la negativa consistió en eliminar un componente del sistema, y el resultado fue la desaparición de un proceso. Así, sería más adecuado describir el resultado por la negativa: “la **disfunción** de la proteína E7 es la infección de la célula hospedadora” (Tabla 1). En conclusión, las proteínas son componentes de un sistema y se les puede asignar disfunciones en relación a procesos.

| Concepto | Sistema | Experimento | Resultado | Interpretación |
|--------------|-------------------|--------------------------------------|---|-----------------|
| Proceso | Virus-célula | Observación en distintas condiciones | La infección ocurre en algunas condiciones. Se pueden definir subprocesos como la transformación y la transactivación | Por la positiva |
| Disfunción | Virus-célula | Delección del gen E7 | La infección se ve alterada | Por la negativa |
| Actividad | E7-retinoblastoma | Observación en distintas condiciones | La formación de complejos ocurre en algunas condiciones. | Por la positiva |
| Disactividad | E7-retinoblastoma | Mutaciones puntuales en E7 | La formación de complejos se ve alterada | Por la negativa |

Tabla 1. Función, disfunción, actividad y disactividad de la proteína E7 del virus del papiloma

La actividad proteica sí existe (la disactividad proteica también)

Por otro lado, es posible caracterizar el comportamiento fisicoquímico de proteínas purificadas en presencia de una o varias biomoléculas relacionadas con su disfunción, como un sustrato o un ácido nucleico. Esta forma de trabajo suele recibir el nombre de **bioquímica** o **biofísica**. En el caso de la proteína E7 del virus del papiloma, se observó que forma complejos de afinidad nanomolar con la proteína retinoblastoma de la célula hospedadora [1]. La formación del complejo E7-retinoblastoma es un ejemplo de **actividad** proteica del par de proteínas E7 y retinoblastoma (Tabla 1). Al contrario que la disfunción, la actividad proteica se define por la positiva: si añadimos E7 y retinoblastoma a un tubo de ensayo en determinadas condiciones, aparecen los complejos. Otra importante diferencia es que la actividad proteica es una propiedad de un número reducido de moléculas (dos en el caso de los complejos E7-retinoblastoma) y de un conjunto de condiciones de entorno que pueden definirse de manera formal, como la temperatura, pH o fuerza iónica. Se podría ir un poco más lejos y alterar los aminoácidos que componen la proteína E7 mediante técnicas de mutagénesis dirigida. En algunos casos, la actividad de formación de complejos con la proteína retinoblastoma se vería alterada o tal vez desaparecería. Se diría entonces, por ejemplo, que la **disactividad** de los aminoácidos Leu22, Cys24 y Glu26 de E7 es la formación de complejos E7-retinoblastoma [2] (Tabla 1). La disactividad es por tanto una propiedad de los componentes de la proteína y definida por la negativa.

Múltiples disactividades, actividades y disfunciones de las proteínas y su integración

En lo que sí se parecen la actividad proteica y la disfunción proteica es en su **multiplicidad**: una proteína dada puede asociarse con múltiples disactividades, actividades y disfunciones. En el caso de E7, se ha reportado que la ausencia de E7 está asociada con la pérdida de los siguientes subprocesos de la infección: desregulación del ciclo celular (también llamada transformación celular) y activación de la transcripción de ciertos genes (también llamada transactivación) [1]. Desde el punto de vista de la actividad, se conocen más de cien complejos formados entre la proteína E7 y proteínas de la célula hospedadora [2]. A su vez, se ha establecido una jerarquía de disactividades que abarca buena parte de la secuencia de E7 [2]. La integración de las disactividades de E7 permite explicar con una resolución de unos pocos residuos qué átomos y fuerzas median las actividades de E7. Es lo que se llama establecer **relaciones estructura-función**. Conectando con el nivel de descripción superior mediante la **biología molecular y celular**, las actividades de la proteína E7 pueden representarse en un diagrama de proteínas conectadas con flechas para explicar así las disfunciones. De manera complementaria, un modelo físico-matemático que usara valores cuantitativos para describir dichas **relaciones actividad-disfunción** pertenecería al campo de la **biología de sistemas**.

La biología molecular directa y reversa

La observación de un proceso biológico suele llevar a la búsqueda de disfunciones proteicas asociadas, para después perseguir caracterizar actividades relacionadas, cuyo descubrimiento dispara a su vez proyectos dedicados a comprender las disactividades correspondientes. Podríamos llamar a esta poderosa cadena de investigaciones **biología molecular directa** (Figura 1). No obstante, existe una vía alternativa de conocimiento que trabaja a la inversa. Podemos ejemplificarla con dos estudios recientes acerca de la proteína E7 del virus del papiloma. En el primer estudio [2] se usaron técnicas computacionales para estudiar la evolución de la secuencia de la proteína E7 en la filogenia de los papilomavirus. Uno de los resultados reportados fue una abundancia inusualmente alta de cisteínas en ciertas posiciones de la secuencia. En el momento de publicarse ese estudio, se desconocía a qué actividad (si es que había alguna) correspondía esta disactividad huérfana. El estudio bioinformático motivó un estudio bioquímico realizado con la proteína E7 del tipo viral 16 del virus del papiloma humano [3]. Los resultados indicaron que las cisteínas en cuestión regulan la estructura tridimensional y la formación de complejos E7-retinoblastoma según el potencial redox del entorno. En otras palabras, se pudo ir desde una disactividad postulada para la proteína E7 hasta la regulación de una actividad conocida (formación de complejos) y el descubrimiento de una nueva actividad (conformación). Se podría llamar a esta vía de conocimiento poco transitada **biología molecular reversa** (Figura 1). La pregunta pendiente en el caso de la proteína E7 es si la nueva actividad podrá guiar la mejor comprensión de disfunciones ya conocidas y/o el descubrimiento de nuevas disfunciones relacionadas con el proceso de infección.

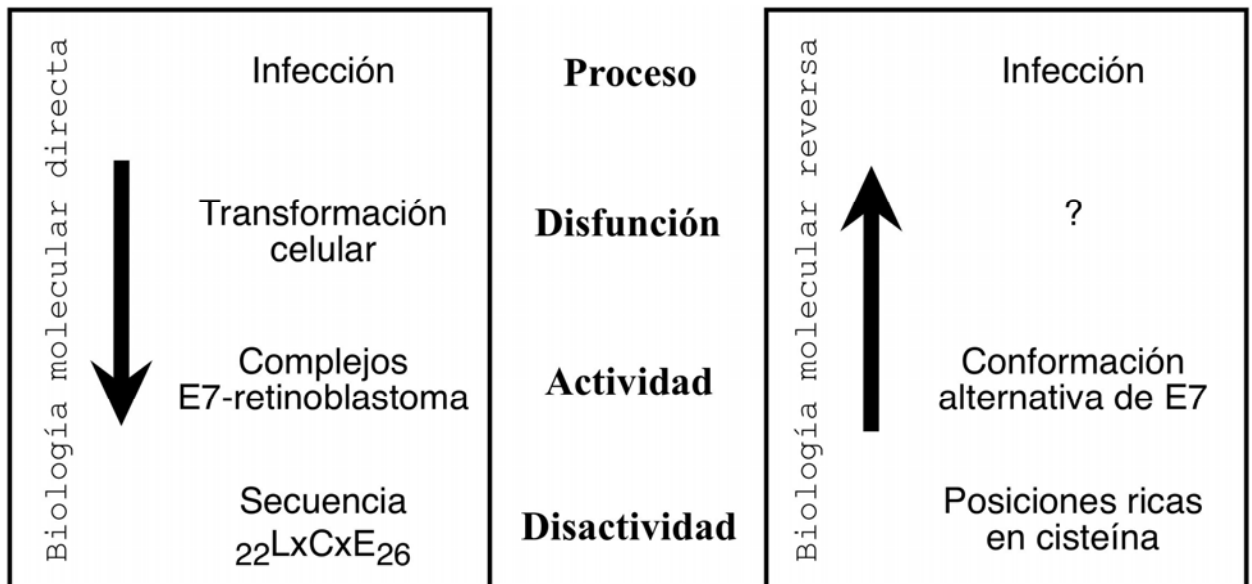


Figura 1. Biología molecular directa y reversa de la proteína E7 del virus del papiloma.

Referencias

1. **Chemes LB, Sánchez IE, Alonso LG, de Prat-Gay G** (2011) Intrinsic disorder in the human papillomavirus E7 protein *Flexible Viruses: Structural Disorder in Viral Proteins* 313-346.
2. **Chemes LB, Glavina J, Alonso LG, Marino-Buslje C, de Prat-Gay G, Sánchez IE** (2012) Sequence evolution of the intrinsically disordered and globular domains of a model viral oncoprotein *PLoS One* 7(10): e47661.
3. **Chemes LB, Camporeale G, Sánchez IE, de Prat-Gay G, Alonso LG** (2014) Cysteine-rich positions outside the structural zinc motif of human papillomavirus E7 provide conformational modulation and suggest functional redox roles *Biochemistry* 53(10):1680-96.

El autor es investigador de CONICET



ISSN 1666-7948

www.quimicaviva.qb.fcen.uba.ar

Revista **QuímicaViva**

Número 2, año 14, Agosto 2015

quimicaviva@qb.fcen.uba.ar



Química Viva

E-ISSN: 1666-7948

quimicaviva@qb.fcen.uba.ar

Universidad de Buenos Aires
Argentina

Ferreiro, Diego U.

Repitamos juntos: "¡Las proteínas son mosaicos!"

Química Viva, vol. 14, núm. 2, 2015, pp. 26-29

Universidad de Buenos Aires

Buenos Aires, Argentina

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=86340673006>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica

Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal

Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

Repitamos juntos: “¡Las proteínas son *mosaicos!*”

Diego U. Ferreiro

*Laboratorio de Fisiología de Proteínas - Departamento de Química Biológica,
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.
IQUIBICEN/CONICET. Buenos aires, Argentina*

ferreiro@qb.fcen.uba.ar

Recibido 05/05/2015 - Aceptado 08/06/2015

Resumen

Las proteínas son los polímeros más versátiles y fascinantes que pueden encontrarse en la biósfera. Formadas por simples repeticiones lineales de ~20 grupos de átomos, estas moléculas se pliegan espontáneamente en estructuras complejas, conjurando la información génica con la del medio ambiente. Durante los pasados 40 años se han descrito a las estructuras proteicas como 'mosaicos' en los que se identifican 'dominios' de plegado que evolucionan en forma combinatorial ¿Pueden las estructuras de los dominios mismos ser a su vez vistas como mosaicos?

Palabras clave: proteína-repetitiva, dominio estructural, mosaico.

Repeat with me: “Proteins are mosaics!”

Abstract

Proteins are the most versatile and fascinating polymers to be found in the biosphere. Composed by simple linear repetitions of ~20 atom-groups, these molecules spontaneously fold into complex structures, spelling genetic and environmental information. Over the last 40 years protein structures were described as 'mosaics' of structural 'domains' that evolve in a combinatorial way. Can the structure of domains themselves be described as mosaics?

Key words: repeat-protein, structural domain, mosaic

Más de cinco veces vi la película 'El Milagro de P. Tinto' [1]. La primera me sorprendí, la segunda me divertí, la tercera no la entendí, la cuarta la disfruté, la quinta ya no pude distinguir sensaciones, una argamasa de impresiones sacudidas sin agitación. Repetir es re-observar, es recrear, reelegir, repensar, re-sentir.

"¡Las proteínas son mosaicos!" repetía en una y otra y otra clase el profesor DJ Goldstein. La primera vez entendí que buscaba que prestemos atención a la existencia del enlace polipeptídico. Las proteínas de la biósfera son/están hechas de sucesiones lineales de grupos de átomos comunes, unos 20 amino-ácidos (Fig 1, izquierda). Toda cadena polipeptídica contiene la repetición "-NH-C α -CO-", y es esta misma periodicidad la que permite la existencia de patrones estructurales de orden superior, plegados regulares dados por simple repetición local de torsiones: α -hélice, hoja- β , etc. La estabilidad de estas estructuras viene dada por la inherente simetría de la repetición "...-C α -CO-NH-C α -CO-NH-C α -..."



amino-ácidos motivos dominios **proteína**

Figura 1. Las proteínas pueden ser vistas como mosaicos a distintos niveles de organización. Grupos de átomos forman amino-ácidos, cuyos grupos pueden formar motivos, cuyos grupos pueden formar dominios, cuyos grupos pueden formar proteínas, cuyos grupos...

Figura basada en el *Metamorfosis II* de MC Escher.

Tres años después volvimos a cursar con él y repitió incontable "¡Las proteínas son mosaicos!". La segunda vez entendí que buscaba que prestemos atención al curioso fenómeno de la existencia de 'dominios' (estructurales y funcionales) en cadenas polipeptídicas naturales. Comparando secuencias génicas codificantes de organismos actuales es posible distinguir regiones que se parecen (Fig 1, derecha). Muchas proteínas modernas contienen arreglos de estas regiones y, típicamente, las proteínas 'nuevas' son combinaciones, re-arreglos, de dominios preexistentes. Mosaico génico. Lego-molecular.

Ya no volvimos a cursar con él. Me quedé sin una tercera re-vida junto. Pero es sencillo repetir: "¡Las proteínas son mosaicos!" ¿Qué tipo de mosaicos son? ¿Hay algún patrón mosaico en un nivel de organización entre los explicitados? ¿Hay repeticiones más allá de los

'a-mi-no-ácidos' y más acá de los 'dominios'? ¿Hay repeticiones de conjuntos de aminoácidos que formen dominios? Como siempre, una vez aclarada la pregunta, la respuesta es casi trivial (corolario: si la respuesta no es trivial, la pregunta tal vez no sea la mejor).

Si bien la mayoría de las secuencias de aminoácidos de dominios proteicos naturales es aparentemente aleatoria (es decir, no hay repeticiones evidentes); existen familias de proteínas en las cuales es posible distinguir sucesiones lineales de residuos, motivos, que se repiten (Fig 1, centro). Las bien llamadas 'proteínas-repetitivas' son un grupo heterogéneo que invade alrededor de un tercio de las secuencias genómicas codificantes. En éstas se puede distinguir que unos pocos (entre 20 ~ 40 residuos) se repiten en tándem. Estas proteínas típicamente se pliegan en estructuras elongadas estabilizadas por la interacción en y entre las repeticiones.

Una cadena polipeptídica correspondiente a una sola repetición no se pliega cuando aislada, dos tampoco, tres a veces, cuatro si las condiciones son apropiadas... cuando lo son, todas las repeticiones se pliegan juntas, cooperativamente. Todas o ninguna. Varias repeticiones de aminoácidos constituyen un dominio estructural. Estos dominios estructurales pueden también ser vistos como mosaicos [2]. Se los puede descomponer en 'azulejos' que, combinados en formas específicas, dan lugar a la aparición de patrones simétricos de una belleza intrínseca análoga a la de los mosaicos por humanos construidos [3].

¿Qué tiene que ver esto con 'la función proteica'? No lo sé aún. Confío en que repetir, re observar, re contemplar el mantra planteado puede ayudar: "¡Las proteínas son mosaicos!". Los mosaicos de las proteínas repetitivas constituyen dominios estructurales. Dado que las repeticiones biológicas nunca son exactas, pequeñas variaciones en la secuencia y en el entorno dan lugar a que el plegado del dominio sea sensible a modificaciones sutiles. Mutaciones locales (cambios de secuencia) pueden des/estabilizar regiones específicas, y afinar la respuesta ante mutaciones globales (cambios de entorno). Recién estamos comenzando a entender cómo estas fuerzas se contraponen, se complementan, se conjuran en sistemas moleculares [4]. Tal vez los sistemas proteicos sencillos, en los cuales se puedan contrastar patrones en secuencias, en estructuras, en actividades, faciliten la comprensión, o al menos la apreciación, del fenómeno de la 'emergencia funcional' de/en proteínas. Solo el tiempo lo dirá. Mas, como dicen que los tiempos se repiten, quedo repitiendo: Sin repetición no hay patrón posible. Sin patrones no hay comunicación. Sin comunicaciones no hay flujo de información. Sin in-formaciones no hay forma. Sin formas no hay estructura. Sin estructuras solo hay ruido. Ruidos no es señal... pshhhiiii wiikkpa lmlkwngj oagoiwig nmvpal... buen momento para volver a ver 'El Milagro de P. Tinto'.

Referencias

1. <http://www.imdb.com/title/tt0151572/> accesado el 17/10/2014
2. <http://xiv.org/ar abs/1306.2852> accesado el 17/10/2014

3. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22338658> accesado el 17/10/2014
4. <http://arxiv.org/abs/1312.0867> accesado el 17/10/2014

El autor es profesor e investigador de CONICET



ISSN 1666-7948

www.quimicaviva.qb.fcen.uba.ar

Revista **QuímicaViva**

Número 2, año 14, Agosto 2015

quimicaviva@qb.fcen.uba.ar



Química Viva

E-ISSN: 1666-7948

quimicaviva@qb.fcen.uba.ar

Universidad de Buenos Aires
Argentina

Craig, Patricio O.; Klinke, Sebastián; Bonomi, Hernán R.
Los posibles caminos desde el gen a la función proteica
Química Viva, vol. 14, núm. 2, 2015, pp. 30-34
Universidad de Buenos Aires
Buenos Aires, Argentina

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=86340673007>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica

Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal

Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

Los posibles caminos desde el gen a la función proteica

Patricio O. Craig^{1,2}, Sebastián Klinke³ y Hernán R. Bonomi³

¹ *Instituto de Química y Físicoquímica Biológica (IQUIFIB, UBA/CONICET)*

² *Departamento de Química Biológica, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.*

³ *Instituto de Investigaciones Bioquímicas de Buenos Aires (IIBBA-CONICET), Fundación Instituto Leloir.
Buenos Aires, Argentina*

hbonomi@leloir.org.ar, pocraig@qb.ffyb.uba.ar

Recibido 04/05/2015- Aceptado 30/06/2015

Resumen

Las proteínas constituyen la maquinaria elemental de todos los seres vivos. Las instrucciones para su producción están escritas en los genes del DNA. Los avances en técnicas de secuenciación de DNA han permitido obtener una inmensa cantidad de información de los genes de una variedad de organismos tales como bacterias, hongos, virus, plantas, animales, etc. En la mayoría de los casos, la función de los genes descritos es desconocida. En este artículo discutimos los desafíos que involucra el análisis funcional de genes y proteínas concentrándonos en el caso particular de la enzima Lumazina Sintasa de *Brucella abortus* como ejemplo.

Palabras clave: Proteína, gen, predicción funcional, Lumazina Sintasa, homología

The possible roads from gene to protein function

Abstract

Proteins are the basic components of the machinery of all living beings. The instructions for their production are written in the genes of the DNA. The advances in DNA sequencing techniques have enabled the acquisition of a large amount of information of the genes of a variety of organisms, like bacteria, fungi, virus, plants, animals, etc. In most cases the function of the described genes is unknown. In this article we discuss the challenges involved in the functional analysis of genes and proteins, focusing on the particular case of the enzyme Lumazine Synthase from *Brucella abortus* as example.

Keywords: Protein, gene, function prediction, Lumazine Synthase, homology

El principio de la función y la función del principio

El estudio funcional de las proteínas es fundamental para la comprensión de la vida a nivel molecular. Al estudiar procesos biológicos, los científicos, buscamos aislar e identificar los componentes elementales y “principios activos” asociados con la observación de una actividad particular. Esta ruta de estudio desde la función al principio activo, con auge en la era pre-genómica, ha servido históricamente para la asignación de la actividad molecular de una amplia gama de proteínas y genes que las codifican.

Esta información primaria es en la que se apoyan métodos secundarios o indirectos de predicción de función, surgidos de la necesidad de asignar una función probable a proteínas y genes secuenciados en forma sistemática.

Se podría decir que en la era pre-genómica el número de proteínas con función conocida sobre el número de genes descritos era similar, mientras que en la era post-genómica, la secuenciación de genomas completos y metagenomas invirtieron la relación y ahora se sabe la secuencia de infinidad de genes de los cuales se desconoce completamente su función.

Existen varias estrategias para la asignación de función de genes y proteínas. La más utilizada es a través del análisis de la similitud de secuencia. Si uno tiene la secuencia de una proteína y quiere saber su función, lo primero que hace un científico en la actualidad es buscar con una computadora en bases de datos de secuencias la existencia de una proteína similar con función conocida. El razonamiento utilizado aquí tiene base evolutiva. Si existe un gen con una función particular en un organismo, lo más probable es que esa función se conserve en otro organismo codificada por otro gen muy similar en secuencia (homólogo).

Debido a la relación existente entre la estructura y la función de las proteínas, es también posible asignar la función de una proteína en base a la similitud de su estructura con la de una proteína de función conocida. La confianza de la predicción depende del grado de similitud observado. Sin embargo, existen casos de proteínas muy similares con funciones distintas y también proteínas con secuencias o estructuras dispares que tienen la misma función. La confirmación experimental es siempre necesaria en última instancia.

¿Pero cómo se aborda el análisis de la función de proteínas sin homólogos secuenciales o estructurales de función conocida? En estos casos el desafío es mayor, siendo necesario el análisis de una variedad de datos experimentales para elaborar hipótesis sobre su posible función celular y el diseño de experimentos específicos para su verificación. Esta información abarca la distribución del gen en distintos organismos, el análisis de su contexto genómico, la identidad de genes vecinos, la co-evolución de genes, el patrón de expresión en diversas condiciones celulares, las consecuencias metabólicas o morfológicas de su expresión o silenciamiento, la unión de ligandos, etc.

A pesar de la complejidad del problema, los avances producidos en el análisis funcional de las proteínas tanto desde la vía función-principio como la del principio-función son alentadores. El área posee un interés central y desafía las ideas e imaginación de los más creativos y audaces.

Una historia mínima sobre dos isoenzimas y la multiplicación de preguntas

El Dr. Fernando Goldbaum obtiene su doctorado en el año 1992. Durante la realización de su tesis, el Dr. Goldbaum identifica a una proteína del patógeno *Brucella abortus* por su alta inmunogenicidad, la “pesca” usando los anticuerpos que ella misma genera durante la infección. Esta proteína tiene un peso molecular aparente de 18 kDa en un SDS-PAGE. La primera pregunta que el investigador se hizo fue: **¿qué función cumple?** La secuenciación N-terminal sirvió para identificarla como una secuencia homóloga a la de una enzima, la Lumazina Sintasa (LS) [3]. La LS es la enzima que sintetiza 6,7-dimetil-8-ribitilumazina (lumazina), el cual es el precursor directo de la vitamina B2 (riboflavina) [4]. Esta enzima se encuentra en plantas y microorganismos.

Por esto, la proteína de 18 kDa se renombró como Lumazina Sintasa de *Brucella* (BLS). Se caracterizó de forma biofísica durante bastante tiempo, descubriendo por ejemplo que poseía una organización decamérica, e inclusive se obtuvo su estructura cristalina, pero recién años más tarde se midió su actividad enzimática *in vitro*. Los valores de eficiencia catalítica (kcat/Km) mostraban que era una “pobre” LS. Recién en el año 2005 el genoma completo de *B. abortus* es publicado [7], revelando la existencia de otro gen homólogo a BLS. Surgió entonces la pregunta: **¿es ésta la “verdadera” LS de *Brucella*?** Por cuestiones de nomenclatura y convención, se las renombró como RibH1 a la nueva enzima encontrada *in silico* y RibH2 a BLS. Seguros de que RibH1 iba a poseer una mejor eficiencia catalítica, se midió y para sorpresa...¡era tan baja como la de RibH2! Cuando se resolvió la estructura cristalográfica de RibH1 en nuestro laboratorio [8], se encontró una organización cuaternaria diferente (pentamérica), aunque con el mismo plegamiento monomérico que RibH2.

Entonces nos hicimos nuevas preguntas: **¿son las dos LSs, o ninguna lo es y existe otra codificada en el genoma? Si no son LSs... entonces ¿qué función cumplen?**

Para tratar contestarlas, generamos bacterias *B. abortus* con sus dos genes ribH1 y ribH2 mutados. La primera observación es que esta bacteria no podía sobrevivir a no ser que nosotros le suministráramos de forma externa la riboflavina. También pudimos hacer que la bacteria mutante viviera, sin que le tuviéramos que agregar la vitamina en cuestión, luego de la introducción de un gen que codificaba para una **verdadera enzima LS** perteneciente a la levadura común de la cerveza, el hongo *Saccharomyces cerevisiae*, la cual ya estaba reportada y muy estudiada. Además, si la bacteria tenía una copia sana de ribH1 ó ribH2 podía vivir. Tomando en cuenta estos datos (realizando los controles adecuados), estamos en nuestro derecho de decir que tanto RibH1 como RibH2 poseen la función de LS *in vivo* [9]. De nuevo, aparecieron nuevas preguntas: **¿Por qué *Brucella* codifica para dos enzimas que realizan**

una misma función (isoenzimas) si con una sola de ellas puede sobrevivir? ¿Cada enzima estuvo seleccionada para funcionar en momentos diferentes del ciclo de la bacteria? ¿Por qué poseen tan baja eficiencia catalítica comparada con las LSs de otros microorganismos?

Después de algunos experimentos, la hipótesis actual es que RibH2 funcionaría para suministrar el precursor de la riboflavina cuando la bacteria esta infectando la célula del hospedador mientras que RibH1 lo estaría haciendo en las etapas no infectivas. El porqué de sus bajas eficiencia sigue siendo aún hoy una cuestión meramente especulativa.

Corolario

En ciencia, aunque puede aplicarse como una regla general para la vida de los curiosos, la respuesta a una pregunta **siempre** lleva a muchas más preguntas.

Referencias

1. **Goldbaum FA, Rubbi CP, Wallach JC, Miguel SE, Baldi PC, Fossati CA** (1992) Differentiation between active and inactive human brucellosis by measuring antiprotein humoral immune responses *Journal of Clinical Microbiology* 30: 604-6077.
2. **Goldbaum FA, Leoni J, Wallach JC, Fossati CA** (1993) Characterization of an 18-kilodalton *Brucella* cytoplasmic protein which appears to be a serological marker of active infection of both human and bovine brucellosis *Journal of Clinical Microbiology* 31: 2141-2145.
3. **Goldbaum FA, Velikovsky CA, Baldi PC, Mortl S, Bacher A, Fossati C A** (1999) The 18-kDa cytoplasmic protein of *Brucella* species --an antigen useful for diagnosis--is a lumazine synthase *Journal of Medical Microbiology* 48: 833-839.
4. **Fischer, M, Bacher A** (2005) Biosynthesis of flavocoenzymes *Natural Products Reports* 22: 324-350.
5. **Zylberman V, Craig P O, Klinke S, Braden BC, Cauerhff A, Goldbaum FA** (2004) High order quaternary arrangement confers increased structural stability to *Brucella* sp. lumazine synthase *Journal of Biological Chemistry* 279: 8093-8101.
6. **Klinke S, Zylberman V, Vega DR, Guimaraes BG, Braden BC, Goldbaum FA** (2005) Crystallographic studies on decameric *Brucella* spp. Lumazine synthase: a novel quaternary arrangement evolved for a new function? *Journal of Molecular Biology* 353: 124-137.
7. **Chain PS, Comerci, DJ, Tolmasky ME, Larimer FW, Malfatti SA, Vergez LM, Aguero F, Land ML, Ugalde RA, Garcia E** (2005) Whole-genome analyses of speciation events in pathogenic Brucellae. *Infection and Immunity* 73: 8353-8361.
8. **Klinke S, Zylberman V, Bonomi HR, Haase I, Guimaraes BG, Braden BC, Bacher A, Fischer M, Goldbaum FA** (2007) Structural and kinetic properties of lumazine synthase isoenzymes in the order Rhizobiales *Journal of Molecular Biology* 373: 664-680.
9. **Bonomi HR, Marchesini MI, Klinke S, Ugalde JE, Zylberman V, Ugalde R A, Comerci D J & Goldbaum F A** (2010) An atypical riboflavin pathway is essential for *Brucella abortus* virulence *PLoS One* 5, e9435.

Los autores son investigadores de CONICET



ISSN 1666-7948

www.quimicaviva.qb.fcen.uba.ar

Revista **QuímicaViva**

Número 2, año 14, Agosto 2015

quimicaviva@qb.fcen.uba.ar



Química Viva

E-ISSN: 1666-7948

quimicaviva@qb.fcen.uba.ar

Universidad de Buenos Aires
Argentina

Rodríguez, Pablo Esteban
Dogma periférico: ¿de qué mensaje me están hablando?
Química Viva, vol. 14, núm. 2, 2015, pp. 35-41
Universidad de Buenos Aires
Buenos Aires, Argentina

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=86340673008>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica

Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal

Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

Dogma periférico: ¿de qué mensaje me están hablando?

Pablo Esteban Rodríguez

Instituto de Investigaciones Gino Germani, Facultad de Ciencias Sociales, Universidad de Buenos Aires. Buenos Aires, Argentina

manolo1416@yahoo.com / prodriguez@sociales.uba.ar

Recibido 26/05/2015-Aceptado 31/07/2015

Resumen

El artículo traza una analogía entre la teoría de la comunicación social y la descripción corriente sobre la relación entre DNA, RNA y proteínas, basándose en su referencia común a la teoría de la información y a su esquema más simple de la comunicación interpersonal e intermolecular: emisor, mensaje, receptor, y junto a ellos el código, el canal y el contexto (modelo de Jakobson). En ambos casos se observa un desplazamiento desde la importancia dada a la posición de emisión y al contenido del mensaje hacia la posición de recepción, lo que en términos de la biología molecular obligaría a proponer la elaboración de un Dogma Periférico que postula la existencia de una semiosis genética, en contraposición de un Dogma Central basado en la secuencia genética.

Palabras clave: comunicación, información, recepción.

Peripheral dogma: what message are you talking about?

Abstract

The article traces an analogy between the theory of the social communication and the current description about the relation DNA-RNA-proteins; an analogy based on its shared reference to the theory of the information and to the simplest scheme of the interpersonal and intermolecular communication: sender, message, receiver, and together with them the code, the channel and the context (Jakobson's model). In both cases it can be observed a displacement from the centrality given to the position of the sender and to the content of the message towards the position of the receiver, which in terms of the molecular biology would force to propose the elaboration of a Peripheral Dogma. This new Dogma proposes the existence of a genetic semiosis, in contrast with the Central Dogma based on the genetic sequence.

Keywords: communication, information, reception.

En las teorías de la comunicación basadas en la teoría matemática de la información es tradicional definir a un emisor, un mensaje y un receptor. El reconocido lingüista y fonólogo Roman Jakobson tomó el clásico modelo de Claude Shannon [1] y lo amplió incluyendo al código, al canal y al contacto [2]. Reemplazando al contacto por el canal, al destinador (aquella instancia que motiva al sujeto a cumplir su objetivo, una fuerza que mueve al sujeto a ejercer una función) por el emisor y al destinatario por el receptor, según la acepción corriente en las disciplinas de la comunicación social, el esquema es el siguiente:

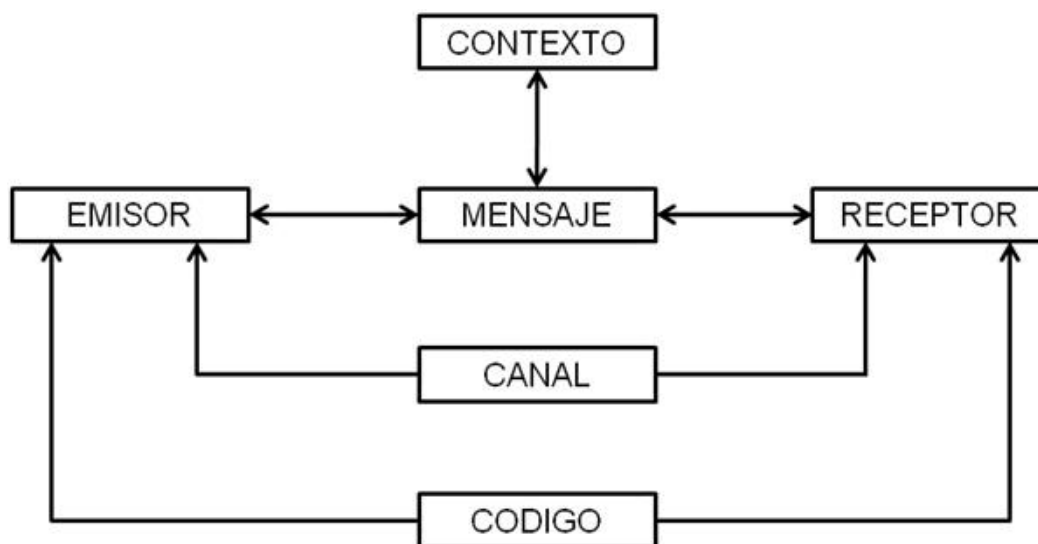


Figura 1. Modelo ampliado de la comunicación.

<http://lenguayliteraturacastellana2.blogspot.com.ar/p/las-funciones-del-lenguaje.html>

En el campo de la comunicación social estos modelos fueron sometidos a constante crítica, en especial a partir de la década del '70. Se los acusó de presentar la acción comunicativa como lineal, concentrada en el emisor o, en el mejor de los casos, en el mensaje y en el código. En el ámbito de lo social, esto equivalía a desestimar la función del receptor en tanto creador de mensajes, o sea, emisor (Figura 2). Para estas posturas, no habría una flecha que va de un polo a otro sino una codeterminación de las instancias de emisión y recepción, lo que hace que los mensajes se transformen constantemente en función de otras instancias que habían sido dejadas de lado, como el contexto. Así, las teorías lingüísticas duras dieron paso primero a las teorías de la enunciación (quién dice qué en qué contexto y con cuál historia) y luego a las teorías de los discursos sociales, que estudian la emisión y la recepción en un pie de igualdad y afirman que aquella flecha emisor-receptor corre en varios sentidos. La semiosis es cualquier forma de actividad, conducta o proceso que involucre signos, incluyendo la creación de un significado. Es un proceso que se desarrolla, según el creador de la lingüística moderna, Ferdinand de Saussure [3], en la mente del intérprete; se inicia con la percepción del signo y finaliza con la presencia en su mente del objeto del signo. La semiosis social, esto es, la producción ya no individual sino social de sentido, es un conjunto de estados que el

análisis identifica como productos y a través de los cuales se analizan los procesos; un recorte, una fotografía de un movimiento incesante [4]. Ya en la década del '80 comenzaron a desarrollarse las teorías de la recepción [5] que retomaban las investigaciones realizadas por la Escuela de Birmingham, una de las principales fuentes de la teoría de la comunicación en el siglo XX.

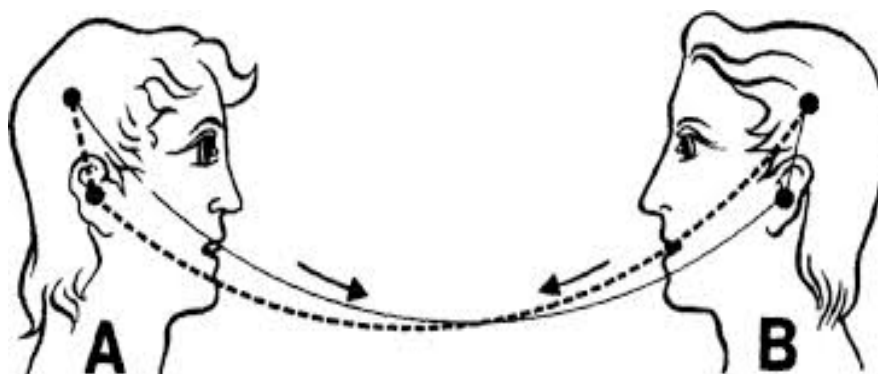


Figura 2: El receptor en tanto emisor [3]

¿Las moléculas se comunican?

¿Qué tiene que ver todo esto con las proteínas? La cibernética, definida como ciencia que estudia la comunicación y el control en animales, hombres y máquinas [6], reunió una serie de investigaciones de campos muy diversos, con preeminencia de la ingeniería en telecomunicaciones, la matemática y la lógica. La teoría matemática de la información fue integrada allí y uno de los primeros resultados exitosos fue la computadora tal como la conocemos hoy, concebida explícitamente como un cerebro artificial. El proyecto de la cibernética era extender los avances de la informática, en especial estos esquemas de la comunicación, a diferentes ciencias y disciplinas [6,7].

Max Delbrück, físico que con los años obtendría el Premio Nobel en 1969 por su investigación con virus bacteriófagos junto a Salvador Luria y Alfred Hershey, asistió en 1946 a las conferencias fundacionales de la cibernética [8] y salió espantado por la poca seriedad de lo que había escuchado. Sin embargo, pocos años después se recurría masivamente a las metáforas informáticas y comunicacionales para explicar por qué los fenómenos específicos de la vida consisten en particulares arreglos moleculares. Así surgió el famoso Dogma Central de la biología molecular, enunciado por J.Crick [9], en el cual se postuló que la información va de modo lineal del DNA (emisor) a las proteínas (receptor) llevando un mensaje a través de un canal (RNA "mensajero" o "de transferencia"), con un código aceptado (el código genético). Pocos años después, en 1970, el mismo Crick incluyó dentro del Dogma Central la transcripción reversa de RNA a DNA, en parte como respuesta a un artículo de Temin y Mitzutani en el que afirmaban haber descubierto una DNA polimerasa dependiente de RNA, lo que luego se llamaría transcriptasa reversa [10,11,12]. Se puede entender este agregado

como un intento de modular el Dogma Central, y a él se agregaron otras variantes. Sin embargo, en lo esencial, y más aún a partir del hallazgo del DNA recombinante y de su capacidad para inducir modificaciones genéticas en bacterias [13,14], el Dogma Central mantuvo su vigencia por mucho tiempo. El mismo Crick, por ejemplo, en un artículo conjunto con Orgel, volvió a salir al paso de posibles objeciones que pusieran en riesgo su validez cuando habló del famoso “junk DNA”, para referirse al DNA que no es transcrito en RNA y parece no cumplir ninguna función según el Dogma [15].

Dejando de lado la perplejidad que puede causar que la biología acepte nombrar a uno de sus fundamentos con el término netamente religioso de “dogma” [12], es sorprendente encontrarse con que las moléculas “se comunican” según un esquema que mezcla los modelos unilineales derivados de la información con analogías con las computadoras; más aún cuando en la actualidad las ciencias biológicas emplean cada vez más a la bioinformática. De esa mezcla se deriva que los mensajes son en lo esencial instrucciones y que puedan comprenderse como algoritmos, pues podrían ser cualquier otra cosa. En este sentido, se puede decir que el complejo DNA-proteínas fue primero entendido como una computadora y que más tarde ella misma, como devolución epistemológica de favores, se transformó en herramienta de análisis del funcionamiento de ese complejo.

¿Las moléculas interpretan?

Según el Dogma Central, las secuencias genéticas implicadas en los procesos de transcripción y traducción generan las estructuras, que serán las proteínas, que tienen innumerables funciones. Esto corresponde con los modelos de la comunicación de la primera época. Sin embargo, como toda ciencia de la comunicación del siglo XX, la biología molecular ahora también discute este esquema a favor de una consideración más atenta al contexto y a la posición de recepción. Ya en los años '70 y '80, con los ejemplos ya citados de la transcripción reversa de RNA a DNA y el “junk DNA” desarrollados por el propio Crick, la unidireccionalidad del Dogma Central se enfrentaba con algunos problemas.

En la actualidad se ha incorporado todo aquello que “no entra” en el Dogma original. Primero, el comportamiento de los priones, partículas patógenas de naturaleza proteica y con ausencia de ácidos nucleicos (responsable entre otras cosas de la conocida enfermedad llamada “de la vaca loca” o enfermedad neurológica de Creutzfeldt-Jakob), mostraría que “la información fluye de las proteínas hacia el genoma vía la asimilación de la variación epigenética” [16]. Segundo, el metabolismo celular “debe ser incluido en el flujo de información”, que ya no se produciría en sentido único, pues “la red bioquímica tiene su propia dirección autónoma que limita la ejecución de las instrucciones del DNA” y así es posible afirmar que hay un proceso de *feedback* entre dicho metabolismo y el DNA [17]. Tercero, en las últimas dos décadas, gracias a los avances en los procesos de secuenciación del RNA, se verifica que esta molécula es “un modulador de la expresión genética tanto pre como pos-transcripción, un

componente de redes computacionales, una entidad alostérica, una molécula de señales y un agente de la inmunidad adquirida” [18].

Finalmente, el papel de las proteínas en el proceso de duplicación del DNA e incluso en el arreglo de su disposición espacial (histonas), las redes de comunicación intercelular, los mecanismos de *feedback* en los procesos celulares que permiten hablar de una “regulación epigenética”, entre otros procesos hallados en las últimas décadas, constituyen ejemplos de los límites del Dogma Central [12]. Otras investigaciones señalan incluso que sería posible encontrar procesos de traducción reversa, esto es, de proteínas a RNA [19].

Esto querría decir que las moléculas intervinientes en los procesos genéticos no sólo obedecen a una instrucción (en caso de que la haya), sino que implican al contexto y de ese modo “hacen” algo con aquello que reciben, lo interpretan. Ni la emisión es solamente acción ni la recepción supone únicamente pasividad. Este modo de comprender la comunicación biomolecular según una extraña “teoría de los discursos sociales” moleculares diría, pues, que hay secuencias, que de allí se pasa a las estructuras pero que, antes de pasar a las funciones, habría justamente actividad e interacciones. Si las estructuras (proteínas) cambian su conformación e integran al contexto (ambiente) dentro de su actividad, y a la vez, como se sabe, también regulan en cierto sentido la propia expresión de la secuencia (determinando en qué lugar se cortan las largas tiras de DNA), se deriva entonces que las propias secuencias podrían no ser completamente estables, y de hecho se sabe que los genomas reaccionan al entorno. Por lo tanto, cabría pensar que la genética, entendida como el estudio de la transmisión de la herencia o información codificada en los genes, no tendría por qué concentrarse sólo en la zona que lleva escrito el código, es decir, únicamente en los procesos de transcripción y traducción. Los ácidos nucleicos fueron identificados en los cromosomas por Johannes Miescher en 1869 y hubo que esperar más de 70 años hasta que Oswald Avery, Colin McLeod y Maclin Mc Carthy demostraran que el DNA era de hecho el material genético [20].

¿Las moléculas hablan?

Claude Shannon, el autor de la teoría matemática de la información, era ingeniero en telecomunicaciones. Estudiaba la manera más eficaz de establecer una comunicación telefónica en tiempos (década del '40 del siglo XX) donde el ruido de fritura era importante. Las teorías de la comunicación, las alineadas y las críticas, siempre consideraron a seres hablantes, que producían significaciones, que generaban sentido. Al observar un proceso corriente de interacción entre DNA, RNA y proteínas se ven muchas cosas, entre ellas procesos de interacción física, pero no se ve a nadie diciéndole nada a nadie.

En este sentido, pareciera que las derivas del Dogma Central en los últimos 40 años replican las de las teorías de la comunicación en el mismo periodo. Fue Jakobson quien a principio de los '70, luego de haber adaptado la teoría matemática de la información a un esquema general de la comunicación, confirmó la analogía entre secuencia genética y secuencia verbal

[21, 22], dándole un sesgo eminentemente lingüístico al punto de vista informacional de la genética.

Sin embargo, la importancia adquirida por la teoría de los discursos sociales, y luego por las teorías de la recepción de los medios masivos de comunicación, mostró los límites del esquema de la comunicación derivado de la lingüística tradicional (Saussure, Jakobson). Se enfatizó entonces el papel del contexto y la reversibilidad entre emisores y receptores respecto del centro del esquema: emisor-mensaje-receptor-código. Y esto mismo parecen demostrar los “descubrimientos post-Dogma Central” [12], particularmente en lo que tiene que ver con la actividad del RNA y las proteínas y la regulación epigenética a través de otros actores intervinientes, como la célula y su metabolismo. En este sentido, cabría sostener la hipótesis, a explorar en trabajos futuros, de la existencia de una semiosis genética, más que una secuencia, retomando las nociones centrales de la “semiosis social” [4]. Y así como la actividad de la secuencia genética está explicada por el Dogma Central, la semiosis genética podría ser explicada por lo que proponemos llamar un Dogma Periférico. Se trataría de un dogma, quizás no dogmático y abierto a múltiples correcciones, que asuma todo lo que se ha enumerado aquí en tanto periferia del centro del Dogma (DNA-RNA-proteínas), bajo la consideración del sistema DNA-RNA-proteínas-medio como un proceso semiótico y multidireccional.

Referencias

1. **Shannon C** (1948) A Mathematical Theory of Communication *Bell System Technical Journal* 27: 379–423.
2. **Jakobson R** (1981) Ensayos de lingüística general *Barcelona: Seix Barral*.
3. **de Saussure F** (2007) Curso de lingüística general *Buenos Aires: Losada*.
4. **Verón E** (1998) La semiosis social *Barcelona: Gedisa*.
5. **Barbero JM** (1987) De los medios a las mediaciones. Comunicación, cultura y hegemonía *Barcelona: Gustavo Gili*.
6. **Wiener N** (1988) Cibernética y sociedad *Buenos Aires: Sudamericana*.
7. **Sfez L** (1995) Crítica de la comunicación *Buenos Aires: Amorrortu*.
8. **Heims SJ** (1991) The Cybernetics Group *Cambridge: The MIT Press*.
9. **Crick F** (1958) On protein synthesis *Symposia of the Society of Experimental Biology* 12: 138-63.
10. **Crick F** (1970). Central dogma of molecular biology *Nature* 227: 561–563.
11. **Temin H, Mizutani S** (1970) RNA-dependent DNA polymerase in virions of Rous sarcoma virus *Nature* 226: 1211–1213.
12. **Shapiro JA** (2009) Revisiting the Central Dogma in the 21st Century *Annals of the New York Academy of Sciences* 1178: 6–28.
13. **Jackson D, Symons R, Berg P** (1972) A Biochemical Method for Inserting New Genetic Information into SV40 DNA: Circular SV40 DNA Molecules Containing Lambda Phage Genes and the Galactose Operon of E. Coli *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 69: 2904.

14. **Cohen S, Chang A, Boyer H, Helling R** (1973) Construction of biologically functional bacterial plasmids in vitro *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 70: 3240–3244
15. **Orgel L, Crick F** (1980) Selfish DNA: The ultimate parasite *Nature* 284: 604–607.
16. **Koonin E** (2012) Does the central dogma still stand? *Biology Direct*, 7(1), 27-27.
17. **De Lorenzo V** (2014) From the selfish gene to selfish metabolism: revisiting the central dogma *BioEssays*, 36(3), 226-235
18. **Bandyra K, Luisi B** (2015) Central dogma alchemy *RNA* 21(4): 558-559.
19. **Biro J** (2014) Revisiting Crick's Dogma and the Impossibility of Reverse Translation *Theoretical Computer Science* 1: 110.
20. **Avery O, Macleod C, McCarty M** (1944) Studies on the chemical nature of the substance inducing transformation of pneumococcal types: induction of transformation by a desoxyribonucleic acid fraction isolated from pneumococcus type III *Journal of Experimental Medicine* 79(2):137-58.
21. **Jakobson R** (1973) *Essais de linguistique générale II : Rapports internes et externes du langage* Paris: Les Éditions de Minuit.
22. **Bell Enguix G, Jiménez López MD** (2006) Código genético y lenguaje verbal *Revista Española de Lingüística (RSEL)* 36: 285-317.

El autor es investigador de CONICET



ISSN 1666-7948

www.quimicaviva.qb.fcen.uba.ar

Revista **QuímicaViva**

Número 2, año 14, Agosto 2015

quimicaviva@qb.fcen.uba.ar



Química Viva

E-ISSN: 1666-7948

quimicaviva@qb.fcen.uba.ar

Universidad de Buenos Aires
Argentina

Marte, Fernando; Tascon, Marcos
Retrato de una dama
Química Viva, vol. 14, núm. 2, 2015, pp. 42-46
Universidad de Buenos Aires
Buenos Aires, Argentina

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=86340673009>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica

Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal

Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

Retrato de una dama

Fernando Marte y Marcos Tascon

*Instituto de Investigaciones del Patrimonio Cultural-Taller de Restauración de Arte
(IIPC-TAREA) Universidad Nacional de San Martín.
San Martín, Provincia de Buenos Aires. Argentina*

fmarte.iipc@gmail.com

Recibido 17/05/2015 - Aceptado 29/07/2015

Resumen

El objetivo de este trabajo consiste en caracterizar materialmente la pintura sobre caballete denominada "Retrato de una Dama" atribuida a Félix Revol. Para ello se tomaron micro-muestras del cuadro y se estudiaron sus perfiles estratigráficos, diferenciando claramente los distintos estratos pictóricos y, de esta forma, inferir posibles hipótesis sobre la construcción de la misma. Por otra parte, la caracterización material fue realizada mediante micro-espectroscopia Raman, la cual permite el análisis químico cualitativo en todos los estratos de una muestra de manera independiente. Esto permitió determinar la paleta de colores empleada, así como el orden en los que se aplicaron.

Palabras clave: Estratigrafías, Félix Revol, Materialidad, Micro-espectroscopia Raman, Pigmentos, Retrato de una Dama, Técnica pictórica

Abstract

The aim of this work lies on the material characterization of a canvas painting called "*Retrato de una dama*" attributed to Félix Revol. To this purpose, some micro-samples were taken from the painting. On one hand, the stratigraphic profiles were studied in order to elucidate the application of paint layers and the painting technique. On the other hand, these stratigraphies were studied by micro-Raman spectroscopy to obtain chemical information with its associated spatial location. The merge of both studies allows us to conclude about the color palette employed by the artist and his painting technique.

Keywords: Félix Revol, Materiality, Micro-Raman spectroscopy, Painting technique, Pigments, Retrato de una Dama, Stratigraphy

Introducción

Félix Revol (1821-1867) es uno de los varios pintores que entre 1810 y 1870 contribuyeron fuertemente en las actividades retratísticas del periodo. Fue parte de un grupo numeroso de artistas franceses que tuvieron paso por Buenos Aires camino hacia Perú. Su participación en el retrato porteño carece de significación, como se desprende de la inexistencia de documentación sobre pinturas realizadas en la ciudad. Por lo cual este estudio, centrado en la materialidad de su obra, reviste importancia para la comprensión de las técnicas pictóricas asociadas al período en cuestión.

Resultados y Discusión

El *Retrato de una Dama* perteneciente a una colección privada arribó al Centro Tarea, de la Universidad Nacional de San Martín, para ser restaurado. Debido a sus características estéticas, la pintura fue atribuida, luego de varios exámenes, al ingeniero Félix Revol. El estado de conservación del retrato era bastante pobre y comprometía una importante parte de la pintura (Fig. 1). Sin embargo, en el lienzo aún era claramente legible la figura de una dama joven.

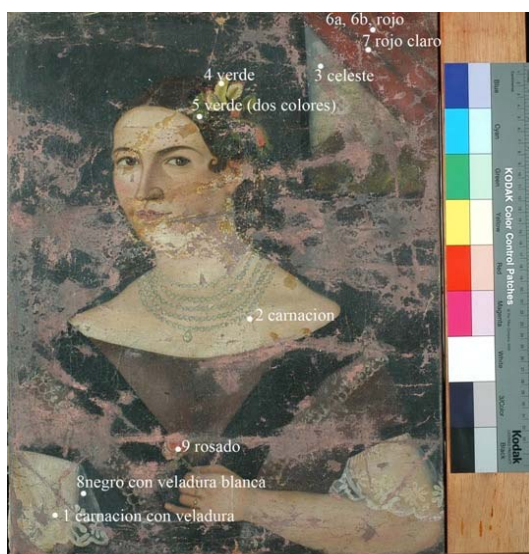


Figura 1

De los estudios realizados a la obra nos focalizaremos en aquellos relativos a secciones transversales y espectroscopia Raman acoplada a microscopia óptica (μ -Raman). En primer lugar, se procedió a la elección de los lugares de muestreo (Fig. 1), acción que involucró la discusión con conservadores, restauradores e historiadores del arte, metodología claramente interdisciplinaria que rige las actividades del Instituto de Investigaciones sobre el Patrimonio Cultural (IIPC). Posteriormente, se tomaron las muestras con la ayuda de un bisturí; ellas tienen una superficie menor a un milímetro cuadrado y fueron tomadas de manera tal que no comprometiesen la integridad física de la obra ni alterasen su apropiada lectura. Las micro-

muestras fueron luego documentadas fotográficamente mediante una cámara acoplada a una lupa binocular, antes de ser incluidas en una resina para su mejor manipulación. Luego del pulido, con lijas de distintas granulometrías, el perfil estratigráfico de la obra fue expuesto. De esta forma, pudo observarse una construcción compleja de la pintura. Las estratigrafías mostraron que el autor había sido poseedor de un formidable manejo de la técnica pictórica.

Las secuencias estratigráficas muestran una sucesión de estratos cuyo número varía entre seis y diez capas, algunas de las cuales son muy delgadas. Otra característica es que muchas de ellas contienen una gran variedad de inclusiones de partículas con diversos colores y tamaños (ver Fig. 2 a modo de ejemplo). Esto era particularmente notable en las pertenecientes a la base de preparación. Respecto de esta última podemos decir que está compuesta por un primer estrato color rojo, que no es idéntico en todas las muestras observadas, pero mantiene una tendencia bastante clara en el total de las analizadas. Inmediatamente superpuesto se encuentra un estrato blanquecino translúcido, que presenta una variación importante en cuanto a su espesor y con un alto contenido de partículas inertes de color blanco de diversos tamaños.

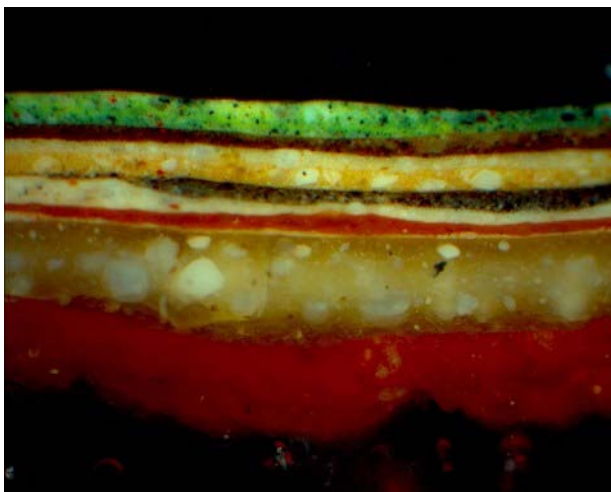


Figura 2

Un dato de interés es la conformación de la capa pictórica, que se encuentra formada por un número inusualmente elevado de estratos. A manera de ejemplo, en la muestra correspondiente a la flor perteneciente al arreglo floral de la cabeza de la Dama, se observa una secuencia de siete capas de color. En ellas se puede ver que el artista ha pintado, aún en esa zona, la carnación, el pelo y, solo después, la hoja del arreglo. Esto nos brinda información en cuanto a la manera en que el artista compuso la figura. Se puede concluir que realizó una construcción sistemática de la composición estrato a estrato, sin importarle que, más adelante, esa zona fuera cubierta por otro motivo.

Estas estratigrafías fueron luego analizadas mediante espectroscopia vibracional Raman, que, acoplada a un microscopio, permitió el estudio espectral de cada uno de los estratos ya mencionados. Así, sobre la muestra reproducida podemos decir que la primera capa de la base

de preparación está compuesta por hematita, sobre la cual se encuentra el estrato blanquecino que contiene partículas cuya composición fue identificada como SiO_2 . La adición de éstas, en proporciones de hasta un 10% en la base de preparación, se utiliza con el fin de impartir a la superficie un grano o rugosidad adicional [1].

En cuanto a la paleta empleada por el artista, se identificó blanco de plomo, azul de Índigo, los rojos están conformados por mezclas de óxidos de hierro, los negros por carbón y el color verde, por una mezcla de Índigo y amarillo de cromo. Este dato de la presencia de amarillo de cromo, nos informa, además de la conformación material de la obra, sobre los materiales disponibles en el lugar. El amarillo de cromo fue sintetizado por Vauquelin en 1809 y su producción comercial como pigmento comenzó en Inglaterra entre 1814 y 1816; unos años más tarde en Francia y Estados Unidos [2]. Por lo tanto la presencia relativamente temprana de este pigmento en nuestro país nos estaría hablando de posibles rutas de comercialización de materiales destinados a la pintura artística

Un caso interesante en la caracterización de los pigmentos por espectroscopia Raman fue el referido al estrato de la carnación, en el cual se encontraron óxidos de hierro y manganeso, correspondientes a la composición de una Tierra de sombra tostada. Tal pigmento suele encontrarse con agregado de silicio, como en nuestro caso, y de carbón (Fig. 3). Este puede provenir tanto del pigmento en sí mismo como de una impureza, según sean la fuente de origen y el proceso de fabricación, particularmente al tratarse de una tierra tostada, o ser resultado de la técnica empleada por el artista. Es quizás la última de las hipótesis la más fuerte en el contexto del retrato en cuestión, debido al marco temporal en la que fue elaborado. Reforzando esto podemos agregar que el espectro de la muestra evidencia además la presencia de cerusita (blanco de plomo), lo que indicaría una elección por parte del autor para lograr la tonalidad deseada de la carnación.

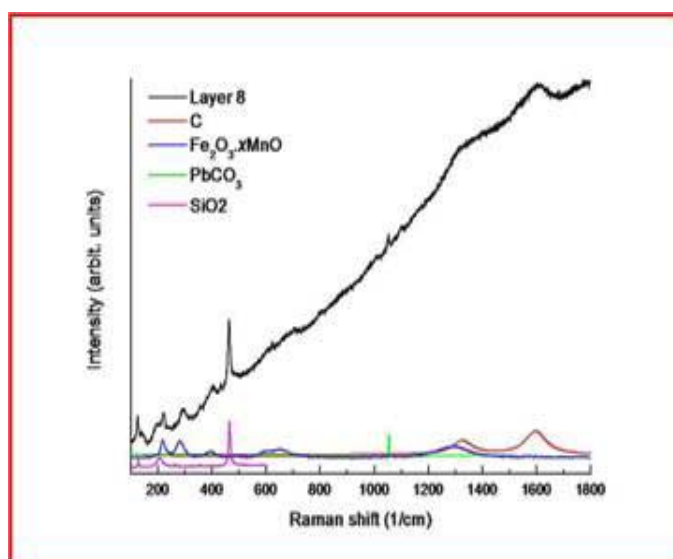


Figura 3

De tal manera, la fusión de ambos estudios, junto con los respectivos datos recopilados, nos permite elucidar la paleta completa de colores empleada por el artista. La micro-espectroscopia Raman resultó ser una técnica analítica apropiada para la identificación de pigmentos en pintura de caballete. Incluso en aquellas muestras que presentaban mezclas complejas, se pudieron identificar exitosamente cada uno de los compuestos involucrados en la formación del color final. Por otro lado, el uso de esta técnica asociado a estratigrafías nos permitió identificar de qué estrato provenían los pigmentos.

Además, los datos indicarían que el autor del retrato de una Dama era poseedor de un manejo notable de la técnica pictórica. Esto se pudo observar viendo que aplicaba las capas de manera secuencial, donde por ejemplo, en el caso del arreglo floral (Fig. 2) se puede observar que primero pinta la carnación (antepenúltima capa), luego el cabello (anteúltima capa) para luego finalizar con el arreglo floral (última capa color verde). La manera compleja de construir su obra permitiría reforzar la atribución si se pudiera acceder a nuevas muestras de obras del ingeniero Félix Revol.

Finalmente, los datos químicos no solo sirvieron para la caracterización de la técnica pictórica sino de relevancia histórica, como puede ser la presencia de ciertos pigmentos en una época y geografía determinada.

Agradecimientos

Los autores agradecen a José Emilio Burucúa la lectura y comentarios de este texto

Referencias

1. **Mayer R** (1985) *Materiales y técnicas del arte. Madrid: Hermann Blume*
2. **Otero V, Carlyle L, Vilarigues M, Melo MJ** (2012) Chrome yellow in nineteenth century art: historic reconstructions of an artists' pigment *RSC Advances* 2: 1798–1805.



ISSN 1666-7948

www.quimicaviva.qb.fcen.uba.ar

Revista **QuímicaViva**

Número 2, año 14, Agosto 2015

quimicaviva@qb.fcen.uba.ar