



50 años de la
doble hélice del ADN

Forjadores de la Ciencia
en la UNAM

Una maravilla de la naturaleza
Furcraea martinezii

La heroína olvidada
del Premio Nobel



el
faro

la luz de la ciencia

50 años de la doble hélice del ADN

Dr. Fernando López Casillas
 Instituto de Fisiología Celular, UNAM.
 Dr. M. Verónica Ponce Castañeda
 UNIMEIP del Hospital de Pediatría del
 Centro Médico Siglo XXI, IMSS.

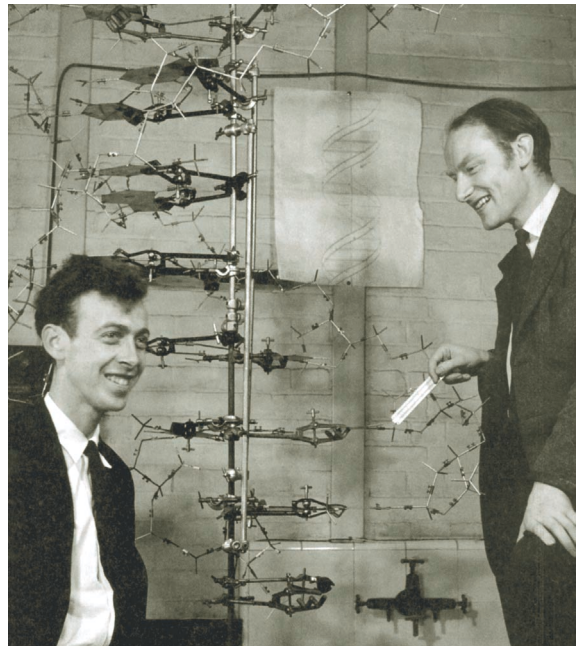
Pocas ideas han tenido una fuerza y trascendencia semejantes a la de la doble hélice, el modelo que describe la estructura molecular del ácido desoxirribonucleico o ADN. Esta estructura molecular, que James Watson y Francis Crick publicaron el 25 de abril de 1953, es la columna vertebral de la biología moderna. Nociones hoy en día comunes, como los genes, su expresión fenotípica, sus mutaciones, etc., tienen sus raíces en la doble hélice. Esta explica, de un solo plumazo, el sustento material de la herencia y de la evolución y crea un modelo que se fortalece día con día. Es tal su fortaleza y vigencia que ha trascendido el campo de la biología y la química para convertirse en un icono de nuestros tiempos.

La doble hélice puso en su lugar las dos piezas clave del rompecabezas para explicar cómo operaba el ADN, el sustrato físico de la herencia. Una de éstas, las proporciones de bases de Chargaff, exigía que las cantidades de las bases nitrogenadas del ADN tuviesen proporciones constantes, por cada tanto de adenina (A) debería haber el mismo de timina (T) y por cada tanto de guanina (G) debería haber el mismo de citosina (C). Cuatro bases que parecían repetirse de manera incoherente para formar la gigantesca cadena de ADN.

La otra pieza requería que los cristales de la molécula de la herencia difractasen los rayos X en patrones característicos de fibras helicoidales, como lo habían revelado las fotografías tomadas por Rosalind Franklin y que al parecer Watson pudo ver antes de publicarse. El gran mérito de Watson y Crick radicó en ver el elefante completo donde otros sólo veían un par de colmillos.

La simple y elegante belleza del modelo de Watson y Crick alinea dos hebras de ADN, una con la otra, para formar una hélice doble. Además, el modelo propone que dicha unión se mantenga gracias a los puentes de hidrógeno que establecen los pares de bases complementarios, la G de una hebra con la C de la otra y la A de una con la T de la otra. También propone el poderoso concepto de la complementariedad de bases y con ello las proporciones de bases de Chargaff resultaba obvio. La complementariedad de bases fue la cuña

conceptual que permitió explicar el mecanismo de la duplicación del material genético, desbordando una plétora de hallazgos (las polimerasas, por ejemplo) y herramientas (la PCR o reacción en cadena de la polimerasa, entre otras) que hoy en día son cotidianas en la investigación biomédica. Por si fuese poco, la doble hélice explicó cómo un polímero, en apariencia repetitivo y monótono, constituido por el extenso encadenamiento de tan sólo cuatro monómeros (las bases A, C, G y T), podía contener la información genética. El modelo hizo obvio que era suficiente especificar la secuencia u orden preciso en la disposición de cada monómero del polímero para almacenar cantidades descomunales de información específica. Y para cerrar elegantemente el círculo conceptual, la secuencia de bases en una hebra de la hélice, al ser complementaria con la de la hebra hermana, se podría usar para copiar fielmente a la secuencia de la otra hebra. Un sencillo, pero eficiente mecanismo para la perpetuación de los genes se delineó en el modelo del ADN.



Watson y Crick
 frente a su modelo
 del ADN

También, gracias al modelo de Watson y Crick, es posible imaginar cómo las cuatro bases del ADN se disponen en una estructura que es común para todos los seres vivos y es a la vez única (en secuencia de bases) para cada especie y cada miembro de una especie. Al proponer que gracias al orden de las bases se pueden establecer secuencias únicas, el modelo da un salto conceptual más, de la mera química de los polímeros a la teoría de la información. Ahora, el ADN representa un código, el idioma mediante el cual la vida cifra todos sus secretos, incluidos no sólo los del presente sino también los de su origen y evolución. Cada ser vivo tiene una secuencia única y particular de bases en su genoma así como la similitud suficiente para catalogarlo dentro de una especie, género, orden o phylum. Esta nueva taxonomía se basa en encontrar las similitudes y diferencias en las secuencias de bases en los genomas, las cuales indican relaciones evolutivas entre los seres vivos que compartimos el planeta.

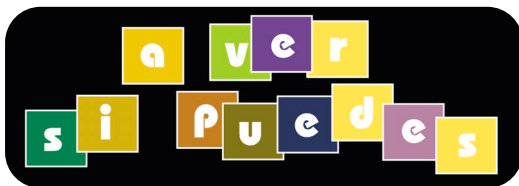
No obstante, el fruto más asombroso y sobresaliente de la doble hélice es su poder, virtualmente inagotable, de predicción. Se ha convertido en el oráculo de nuestros tiempos. Al determinar algunas variantes en el genoma de un individuo se le puede augurar certeramente una muerte temprana. Gracias a esto se pueden diseñar genes nuevos

que se expresen a nuestra conveniencia. Esta capacidad de predicción nos plantea el reto más grande que la ciencia tendrá en este siglo: cómo descifrar y entender cabalmente lo que el ADN predice en cada uno de sus pares de bases. Con la determinación de la secuencia de bases en el genoma humano estamos, como nunca antes, en posibilidad de descubrir el componente genético de las enfermedades. Alcanzar tal conocimiento deberá hacer factible, la manipulación de nuestro genoma y la reparación de genes defectuosos para enfermedades intratables hoy en día.



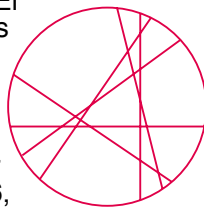
Representación de la estructura molecular del ADN

Cincuenta años después de ver la primera luz, la doble hélice sigue alumbrando, cada vez con mayor nitidez, el camino de la humanidad.



Solución al anterior

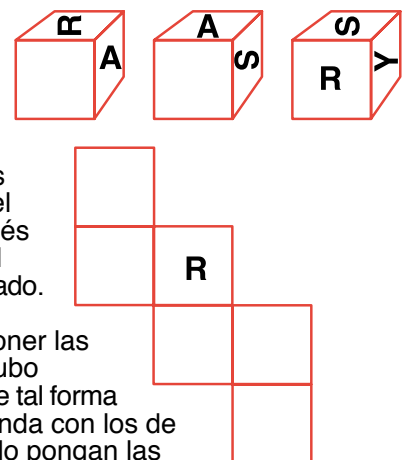
El pastel sin corte tiene una pieza, así que cuando se hace el corte No. 1 se agrega una pieza al pastel para tener un total de 2 piezas. El corte No. 2 agrega dos piezas más para tener 4 en total. El corte No. 3 agrega 3 piezas más para tener 7 piezas en total. Cada corte agrega un número de piezas que es igual al número del corte. Por lo tanto, después del corte No. 6, se tendrá un total de 22 piezas.



Acertijo

La chica nueva del salón es la más guapa y enigmática, a nadie le ha dicho su nombre. Después de pensarlo mucho les dijo a sus admiradores el

siguiente acertijo: He escrito mi nombre en un cubo. En la figura se muestran tres posiciones del cubo y después se muestra el cubo desdoblado. Sólo hay una manera de poner las letras en el cubo desdoblado de tal forma que corresponda con los de arriba. Cuando pongan las letras sabrán mi nombre. ¿Qué nombre es?



solución en el siguiente número de El faro

Colaboración del doctor Alejandro Illanes (Instituto de Matemáticas, UNAM), illanes@matem.unam.mx