

50 años de la doble hélice

La molécula más bella del mundo

Martín Bonfil Olivera

Esa mañana de 1953, luego de largas semanas de tratar infructuosamente de resolver el problema de la estructura del ácido desoxirribonucleico, James Watson miró casualmente una escalera de caracol, y en ese momento tuvo un chispazo genial.

— ¡Lo tengo, Francis! — exclamó —, ¡el ADN es una doble hélice en forma de escalera de caracol!

— Tienes razón — confirmó, entusiasmado, su colega Francis Crick —, ¡son dos cadenas enrolladas una alrededor de la otra!

Suena bonito, ¿verdad? Pero **no** fue así como se descubrió la estructura de la molécula más famosa del mundo. En ciencia las cosas son siempre un poco más complicadas, aunque también más interesantes.

¿QUÉ SE NECESITA para ganar un premio Nobel? Algunos dirán que hay que ser un genio; otros, que se requiere provocar una revolución científica, como hizo Einstein, o bien que basta con inventar algo nunca antes visto, o descubrir un secreto que nadie haya podido develar durante mucho tiempo.

El polémico caso del estadounidense James Dewey Watson y el inglés Francis Harry Compton Crick parece una combinación, en partes desiguales, de todos estos elementos. Se parece también a una historia de detectives, o al armado, pieza por pieza, de un complicado rompecabezas. Juntos, impulsados por su entusiasmo (y con un poco de ayuda de sus amigos),

Crick y Watson descubrieron en 1953 la estructura de doble hélice de la molécula del ácido desoxirribonucleico (ADN).

¿Por qué tanta alharaca?

Todos sabemos lo importante que es el ADN: los genes que están en el núcleo de cada una de nuestras células están hechos de ADN. Desde ahí controlan qué proteínas fabrica la célula, y cuándo. Como las proteínas forman el material del que están hechas las células, y además regulan las reacciones químicas que se llevan a cabo ahí dentro, resulta que los genes del núcleo controlan indirectamente todas las actividades de una célula (y por tanto, de todo ser vivo).



Medallistas Nobel 1962: (de izq. a der.) Maurice Wilkins (fisiología o medicina), M. Perutz (química), Francis Crick (fisiología o medicina), J. Steinbeck (literatura), James Watson (fisiología o medicina), J. Kendrew (química).

Hoy, en el siglo XXI, nos encontramos con el tema de los genes a cada paso: hablamos de enfermedades genéticas, causadas por defectos en la información de los genes. Podemos fabricar sustancias útiles por medio de la “ingeniería genética”, que es una forma elegante para decir que introducimos en un organismo genes de otro. En todos lados se discuten los pros y contras de la clonación, o producción de un organismo que contenga exactamente los mismos genes que otro. Se habla también de los peligros y beneficios que puede acarrear la creación de plantas y animales transgénicos (los que contienen genes procedentes de otra especie). En pocas palabras, estamos viviendo plenamente en la era de la genética. Sin embargo, todo esto comenzó con un descubrimiento hecho hace medio siglo.

El 25 de abril de 1953 se publicó en la revista inglesa *Nature* uno de los artículos científicos más importantes de la historia. Se titulaba “Estructura molecular de los ácidos nucleicos. Una estructura para el ácido nucleico de desoxirribosa”, y estaba firmado precisamente por J. D. Watson y F. H. C. Crick. El título no parece muy emocionante, pero hizo que sus autores recibieran, nueve años después, el premio Nobel de fisiología y medicina.

El artículo fue la culminación del trabajo de muchas personas durante varios años. Puede considerarse que con su publicación se inició la era de la genética

moderna. Y cuando decimos “genética moderna” nos referimos a la genética *molecular*: a partir del artículo de Crick y Watson pudo entenderse cómo estaban hechas las moléculas de la herencia.

La prehistoria del ADN

Los genes ya se conocían desde 1866, cuando el monje austriaco Gregor Mendel publicó los resultados de sus investigaciones con chícharos, en los que postulaba la existencia de unidades individuales de la herencia a las que llamó, precisamente, “genes”.

A partir de entonces, y hasta 1953, los avances en la genética habían sido hechos por medio de cuidadosas cruces, usando animales, plantas y microorganismos. Se necesitaron casi 80 años para que, en 1944, el médico canadiense Oswald Avery comprobara que los genes no están hechos de proteínas, como muchos pensaban, sino de una sustancia que el bioquímico alemán Friedrich Miescher había descubierto

Se trata de una estructura simétrica, armoniosa, que impresiona con su mezcla de sencillez y complejidad.

en 1869. Esta sustancia se hallaba en el núcleo celular, tenía propiedades ácidas y entre sus componentes estaba un azúcar llamado “desoxirribosa”; por todo esto,

NO. 4328 April 25, 1953 NATURE 737

equipment, and to Dr. G. E. B. Deacon and the captain and officers of R.L.S. Discovery II for their part in making the observations.

¹Yong, F. S., Geraci, S., and Jervis, W., *Phil. Mag.*, **41**, 102 (1950).

²Langer-Spalla, M. S., *Ann. Ent. Soc. Amer.*, **45**, 106 (1952).

³The *Acta*, **5**, 8. *Wynne State Papers in Phys. Ontario*, **10**, 11 (1948).

⁴Stokes, V. W., *Arch. Sci. Atmos. Phys. (London)*, **5**(1): 200, 1953.

MOLECULAR STRUCTURE OF NUCLEIC ACIDS

A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid

WE wish to suggest a structure for the salt of deoxyribose nucleic acid (D.N.A.). This structure has novel features which are of considerable biological interest.

A structure for nucleic acid has already been proposed by Pauling and Corey¹. They kindly made their manuscript available to us in advance of publication. Their model consists of three staggered chains, with the phosphates near the fibre axis, and the bases on the outside. In our opinion, this structure is unsatisfactory for two reasons: (1) We believe that the material which gives the X-ray diagram is the salt, not the free acid. Without the acidic hydrogen atoms it is not clear what forces would hold the structure together, especially as the negatively charged phosphates near the axis will repel each other. (2) Some of the van der Waals distances appear to be too small.

Another three-chain structure has also been suggested by Fraser (in the press). In his model the phosphates are on the outside and the bases on the inside, linked together by hydrogen bonds. This structure as described is rather ill-defined, and for this reason we shall not comment on it.

We wish to put forward a radically different structure for the salt of deoxyribose nucleic acid. This structure has two helical chains each coiled round the same axis (see diagram). We have made the usual chemical assumptions, namely, that each chain consists of phosphate diester groups joining β-D-deoxyribofuranose residues with 3',5' linkages. The two chains (but not their bases) are related by a dyad perpendicular to the fibre axis. Each chain follows a right-handed helix, but owing to the dyad the sequences of the same in the two chains run in opposite directions. Each chain loosely resembles Purberg's model No. 1; that is, the bases are on the inside of the helix and the phosphates on the outside. The configuration of the sugar and the atoms near it is close to Purberg's standard configuration², the sugar being roughly perpendicular to the attached base. There is a residue on each chain every 3.4 Å, in the z-direction. We have assumed an angle of 30° between adjacent residues in the same chain, so that the structure repeats after 30 residues on each chain, that is, after 10 Å. The distance of a phosphorus atom from the fibre axis is 10 Å. As the phosphates are on the outside, cations have easy access to them.

The structure is an open one, and its water content is rather high. At lower water contents we would expect the bases to tilt so that the structure could become more compact.

The novel feature of the structure is the manner in which the two chains are held together by the purine and pyrimidine bases. The planes of the bases are perpendicular to the fibre axis. They are joined together in pairs, a single base from one chain being hydrogen-bonded to a single base from the other chain, so that the two lie side by side with identical z-co-ordinates. One of the pair must be a purine and the other a pyrimidine for bonding to occur. The hydrogen bonds are made as follows: purine position 1 to pyrimidine position 1; purine position 6 to pyrimidine position 6.

If it is assumed that the bases only occur in the structure in the most plausible tautomeric forms (that is, with the keto rather than the enol configuration) it is found that only specific pairs of bases can bond together. These pairs are: adenine (purine) with thymine (pyrimidine), and guanine (purine) with cytosine (pyrimidine).

In other words, if an adenine forms one member of a pair, on either chain, then on those assumptions the other member must be thymine; similarly for guanine and cytosine. The sequence of bases on a single chain does not appear to be restricted in any way. However, if only specific pairs of bases can be formed, it follows that if the sequence of bases on one chain is given, then the sequence on the other chain is automatically determined.

It has been found experimentally^{3,4} that the ratio of the amounts of adenine to thymine, and the ratio of guanine to cytosine, are always very close to unity for deoxyribose nucleic acid.

It is probably impossible to build this structure with a ribose sugar in place of the deoxyribose, as the extra oxygen atom would make too close a van der Waals contact.

The previously published X-ray data⁵ on deoxyribose nucleic acid are insufficient for a rigorous test of our structure. So far as we are able, it is roughly compatible with the experimental data, but it must be regarded as unproved until it has been checked against more exact results. Some of those are given in the following communication. We were not aware of the details of the results presented there when we devised our structure, which rests mainly though not entirely on published experimental data and stereochemical arguments.

It has not escaped our notice that the specific pairing we have postulated immediately suggests a possible copying mechanism for the genetic material. Full details of the structure, including the conditions assumed in building it, together with a set of co-ordinates for the atoms, will be published elsewhere.

We are much indebted to Dr. Jerry Donohue for constant advice and criticism, especially on interatomic distances. We have also been stimulated by a knowledge of the general nature of the unpublished experimental results and ideas of Dr. M. H. F. Wilkins, Dr. R. E. Franklin and their co-workers at

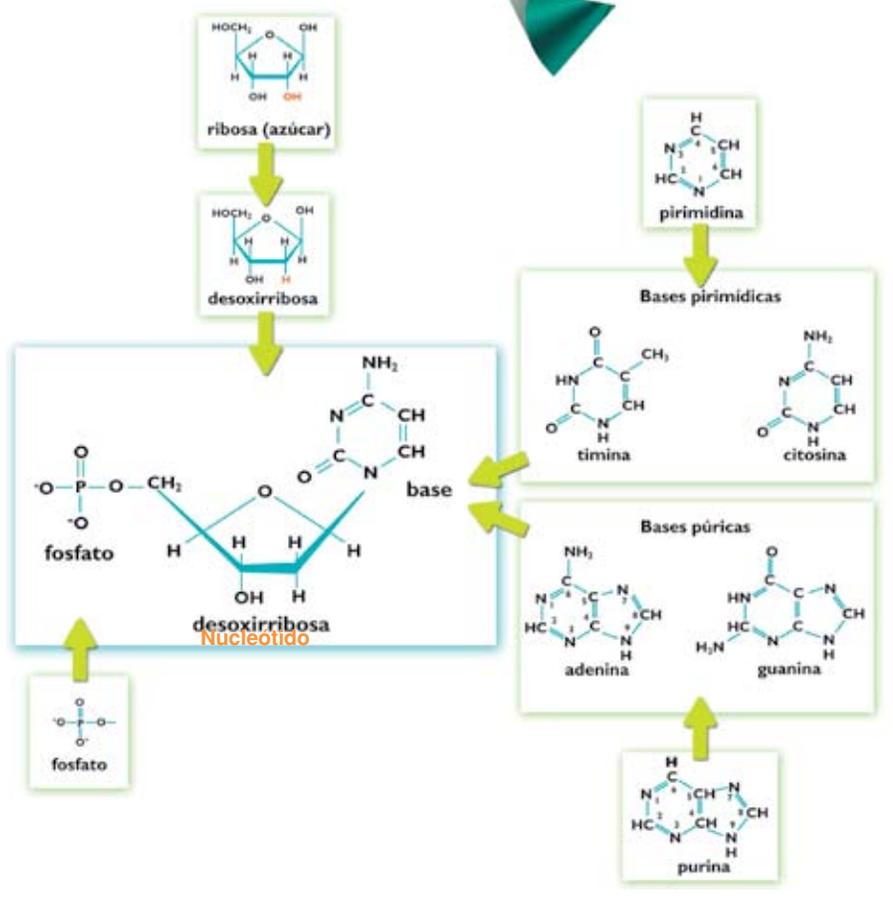
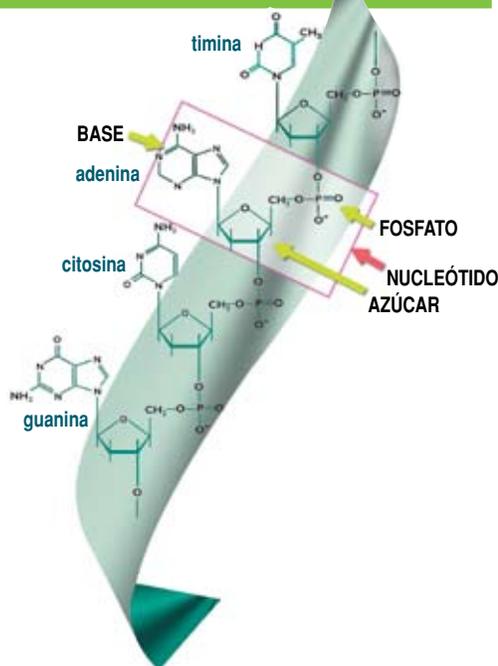
This figure is a graphic representation of the model proposed in the text. It shows two helical chains, each coiled round the same axis. The chains are connected by horizontal rungs representing base pairs. The diagram is labeled with 'z' for the vertical axis and 'x' and 'y' for the horizontal axes. The strands are shown as zig-zag lines, and the base pairs are shown as horizontal bars connecting the two strands.

Uno de los artículos científicos más importantes de la historia, publicado el 25 de abril de 1953.

Los componentes del ADN

El ADN está constituido por unidades llamadas *nucleótidos*, unidas entre sí formando largas cadenas.

A su vez, cada nucleótido está formado por tres partes: un fosfato, el azúcar desoxirribosa (*desoxi* porque es pariente cercana de otro azúcar, la ribosa, sólo que le falta un oxígeno), y una de cuatro moléculas conocidas como *bases nitrogenadas*. Estas últimas se dividen en dos grupos: las bases *púricas* (adenina y guanina) y las *pirimidicas* (timina y citosina), llamadas así porque se derivan de dos compuestos, la purina y la pirimidina.



nar la información genética para formar un organismo completo, ya sea una bacteria, un hombre, un pino o una ballena azul. En segundo, la propiedad más sorprendente, pues es quizá lo más fundamental para la vida: el ADN puede reproducirse, fabricar copias de sí mismo. Hasta ese momento, no se conocía ninguna molécula, por complicada que fuera, que pudiera cumplir con estos requisitos.

Armando el rompecabezas de la vida

Watson y Crick partieron del muy sensato principio de que para entender cómo funciona algo, primero hay que saber cómo está hecho. Por ello, decidieron concentrarse en averiguar la estructura molecular del ADN.

En 1951, cuando comenzaron a investigarlo, ya se conocía algo sobre la estructura de la intrigante molécula. Se sabía, por ejemplo, que contenía carbono, hidrógeno, oxígeno, nitrógeno y fósforo. También se sabía que está formada por largas cadenas de unidades llamadas *nucleótidos* (véase recuadro).

La columna vertebral de la molécula está formada por fósforo (en forma de grupos fosfato) y el azúcar desoxirribosa. De esta columna sobresalen las llamadas bases púricas (adenina y guanina) y pirimidicas (timina y citosina). Se pensaba que, de alguna manera, la información genética del ADN estaba “escrita” en el orden de las bases en la molécula. Lo que no se sabía era cuántas cadenas formaban una molécula, ni cómo se acomodaban una respecto a otra.

Finalmente, se contaba también con un dato curioso: estudiando ADN de diversas especies, el bioquímico austriaco Erwin Chargaff había encontrado que el contenido de adenina era siempre igual que el de timina, y el de guanina era igual al de citosina (aunque las proporciones de adenina + timina y guanina + citosina variaban según el organismo de que se tratara). Nadie podía imaginar qué significaban estas “reglas de Chargaff”, pero estaba claro que no se trataba de una coincidencia.

Por aquel entonces, Watson era un “niño genio” de 23 años. Había obtenido su doctorado en Chicago, donde se había especializado en ornitología (el estudio de los pájaros). Había ido a Copenhague,

se la conocía como ácido desoxirribonucleico. Posteriormente se supo que se trataba de una molécula gigantesca, o macromolécula, formada por cientos de miles de átomos (también las proteínas y algunos otros tipos de azúcares son moléculas gigantes).

A partir del descubrimiento de Avery, la pregunta más interesante que podía hacerse un bioquímico era: ¿cómo está construida la molécula del ADN? Después de todo, tenía que ser una molécula muy especial, pues tiene dos propiedades únicas. En primer lugar, es capaz de almace-

Dinamarca, a estudiar genética, pero como encontró poco estimulante el ambiente, decidió mejor ir a Cambridge, Inglaterra, al famoso Laboratorio Cavendish, donde se aplicaba una nueva técnica conocida como “cristalografía por difracción de rayos X” (véase recuadro) para estudiar la estructura de moléculas biológicas, sobre todo proteínas.

Crick, por su parte, tenía 33 años y, luego de estudiar física y trabajar en el desarrollo del radar, durante la Segunda Guerra Mundial, había ido a dar al mismo laboratorio. Se reconocía ampliamente su gran inteligencia, pero hasta el momento no había logrado obtener un éxito importante. Como la mayor parte de los científicos que trabajaban ahí, se interesaba en averiguar la estructura molecular de las proteínas.

La historia se complica

Y es aquí donde entran en escena otros dos personajes importantes de esta historia. Así como en el Laboratorio Cavendish se aplicaba la cristalografía por difracción de rayos X para estudiar la estructura de las proteínas, en el King's College, en Londres, el físico Maurice Wilkins hacía lo mismo con el ácido desoxirribonucleico. Durante años, Wilkins había estado tratando de obtener (e interpretar) buenas imágenes del complicado patrón que producían los rayos X al pasar a través del ADN. Su hábil colaboradora, Rosalind Franklin, llegada recientemente, había logrado algunas imágenes especialmente claras, y comenzaba a estudiarlas, aunque al parecer no gustaba

La cristalografía de rayos X

No es casual que Watson y Crick fueran a dar al Laboratorio Cavendish: la cristalografía de rayos X, que ahí se desarrolló, era una técnica novedosa que había permitido, por primera vez, “observar” cómo estaban acomodados los átomos que forman una molécula.

Habitualmente, los métodos químicos habían bastado para deducir cómo tenían que estar ordenados en el espacio los átomos en un compuesto. Pero esto sirve sólo para moléculas simples, formadas por unos cuantos átomos; quizá unas decenas. Para moléculas gigantes como proteínas o ácidos nucleicos se necesitaba un método más directo.

Usar un microscopio convencional (que usa luz) no era una posibilidad: con él pueden verse bacterias, pero los átomos son varios miles de veces más pequeños. Incluso utilizando el microscopio electrónico, perfeccionado en 1937, las proteínas y el ADN sólo se podían ver como manchitas borrosas.

Los rayos X, a diferencia de la luz visible y los electrones, son ondas cuyas oscilaciones (su “longitud de onda”) son muy pequeñas. Tanto que pueden usarse para “ver” átomos. De modo que, en teoría, podrían usarse los rayos X, haciéndolos pasar a través de una muestra de proteínas (o ADN), para obtener una imagen de los átomos que lo formaban.

Por desgracia, no hay lentes que puedan enfocar los rayos X, como las lentes de cristal en un microscopio óptico enfocan la luz, o los campos magnéticos en uno electrónico enfocan los electrones. Lo único que se podía hacer era dirigir el haz de rayos X a través de la muestra y colocar del otro lado una placa fotográfica, de modo que se obtenía una serie de manchas. Posteriormente, utilizando técnicas matemáticas, podía intentar deducirse dónde tenían que estar los átomos de las moléculas para haber desviado (difractado) los rayos X de manera que se produjera ese patrón de manchas en particular.

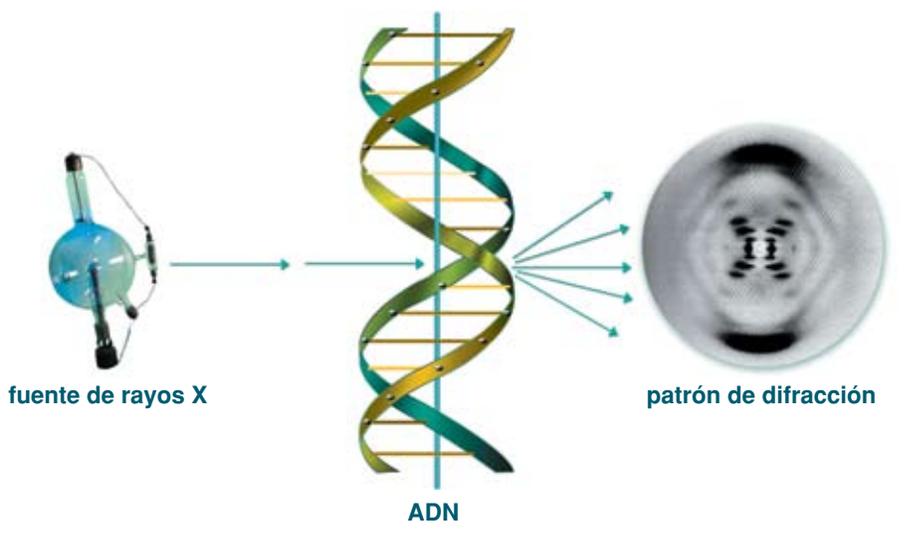


Foto: Cold Spring Harbor Laboratory



Francis Crick y James Watson en la Universidad de Cambridge.

mucho de comunicar sus resultados a Wilkins.

Cuando Watson y Crick comenzaron a interesarse en la estructura molecular del ADN, estaban en cierto modo entrando en el campo de estudio de los expertos Wilkins y Franklin. Los “entrometidos” Crick y Watson no estaban suficientemente capacitados para obtener e interpretar patrones de

rayos X. Pero en cambio, tenían ideas frescas.

Las proteínas que se estudiaban en el Cavendish, al igual que el ADN que se estudiaba en Londres, están formadas por miles de átomos. Desentrañar su estructura exclusivamente a partir de los datos de difracción de rayos X era un problema mayúsculo (¡sobre todo en esa época en que no había computadoras!). Fue por eso que Crick y Watson tuvieron que utilizar una vía corta.

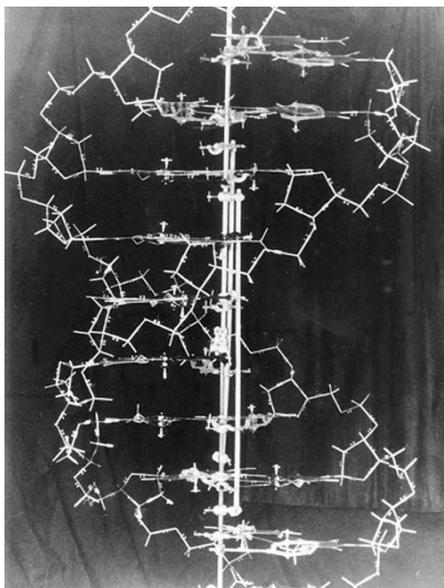
El atajo de Linus Pauling

En la época en que todo esto sucedía, una personalidad célebre destacaba en el mundo de la bioquímica y la naciente biología molecular: el estadounidense Linus

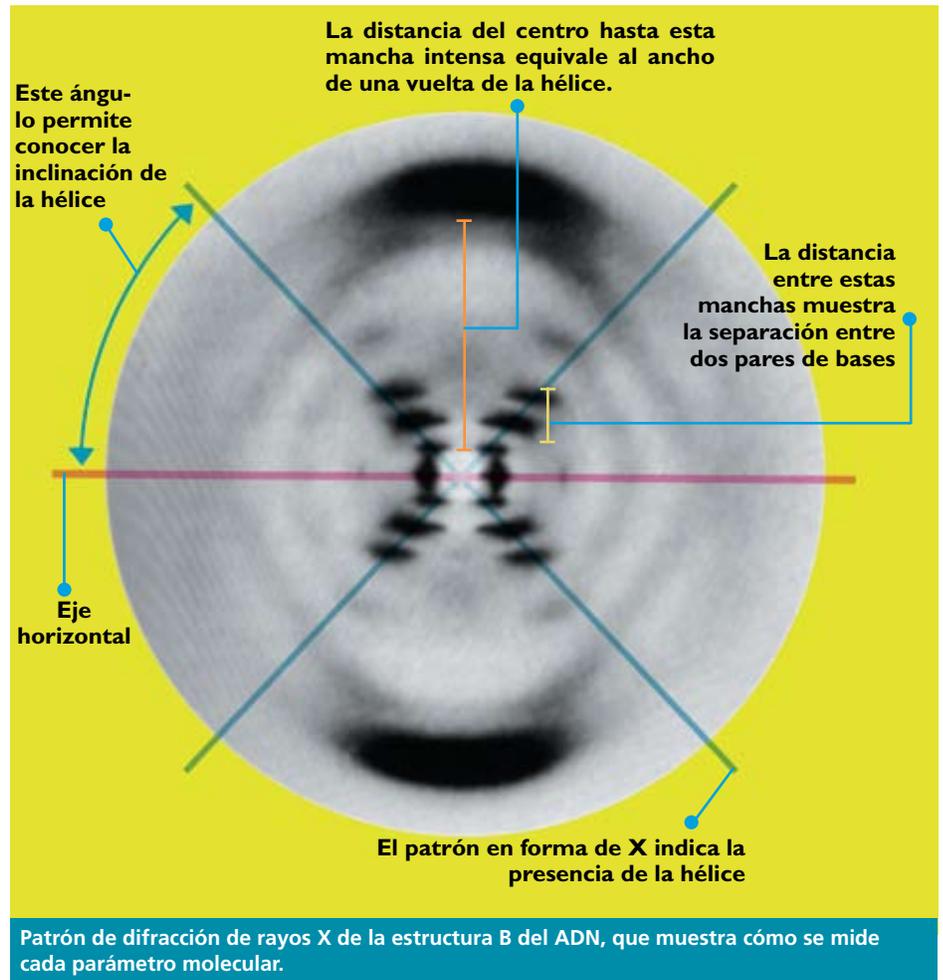
Pauling, considerado el mejor químico del mundo. Entre muchas otras cosas, había desarrollado una teoría del enlace químico (que mantiene unidos a los átomos), y había contribuido a consolidar la técnica de difracción de rayos X.

Un reciente logro espectacular de Pauling había sido deducir, partiendo únicamente de principios químicos, la forma que podían adoptar algunas moléculas de proteína. Para lograr esto, Pauling se había auxiliado de modelos tridimensionales contruidos con bolas y varillas. Los había manipulado hasta encontrar una configuración que no violara las reglas químicas y a la vez pudiera explicar la estructura de las proteínas. Su modelo, conocido como “hélice alfa” (*hélice*, para los químicos y matemáticos, es una estructura en forma de escalera de caracol), fue todo un éxito. Su estabilidad se debía a la formación de enlaces químicos débiles (llamados “puentes de hidrógeno”) entre partes distintas de una misma cadena de proteína. Posteriormente se comprobó (mediante difracción de rayos X, por supuesto) la existencia de la hélice alfa en diversas proteínas.

Al considerar lo difícil que estaba resultando resolver la estructura del ADN usando sólo la técnica de difracción de rayos X, Watson y Crick decidieron probar el método de Pauling, y comenzaron a construir modelos —cuidando, por supuesto, que coincidieran con los datos de rayos X que ya tenían acerca del ADN— para tratar de encontrar estructuras posibles.



El modelo metálico del ADN construido por Watson y Crick.



Su primer intento constaba de tres cadenas, en las que el espinazo de fosfatos y desoxirribosas estaba en el centro, mientras que las bases se encontraban apuntando hacia el exterior.

Pero fue un fracaso. Bastó con mostrárselo a Wilkins y Franklin, que habían viajado desde Londres a verlo, para que señalaran que la repulsión eléctrica entre las cargas negativas de los fosfatos, agrupados al centro, haría que la estructura fuera muy inestable. (Curiosamente, poco antes de que Watson y Crick dieran con la estructura correcta, Pauling mismo construyó un modelo de tres hélices con los fosfatos en el centro. El gran químico pareció haber olvidado por un momento los principios básicos. Quizá, si no hubiera sido así, los nombres de Crick y Watson hubieran ido a engrosar la lista de los grandes segundos en ciencia.)

Pero nuestros protagonistas no se dieron por vencidos. Revisaron sus conceptos de química básica y continuaron tratando de construir un mejor modelo.

La fotografía crucial

Afortunadamente, había piezas sueltas del rompecabezas que todavía no habían utilizado. Y una nueva pieza apareció poco después.

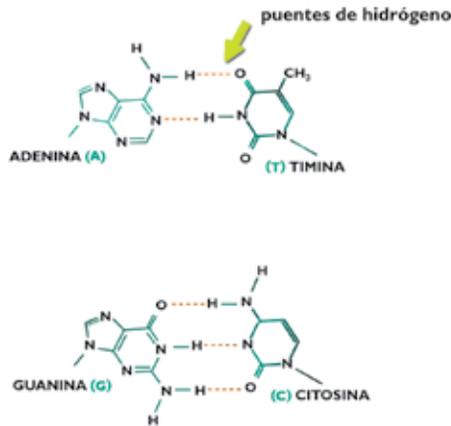
Las fibras de ADN con las que Wilkins había estado trabajando contenían algo de agua, pero no mucha. Poco antes, Rosalind Franklin había obtenido otras fibras con mayor contenido de agua. Cuando dirigió a ellas sus rayos X, el resultado fue sorprendente: el patrón de manchas generadas por la difracción (desviación) de los rayos al pasar cerca de los átomos del ADN era mucho más sencillo que los que se habían obtenido hasta ese momento. Wilkins y Franklin llamaron a esta nueva presentación del ADN “estructura B”.

Cuando Crick y Watson vieron las fotos de la estructura B, inmediatamente supieron que tenían una segunda oportunidad de resolver correctamente la estructura de la molécula.

Hasta ese momento, los datos no habían permitido comprobar plenamente

La complementariedad de bases

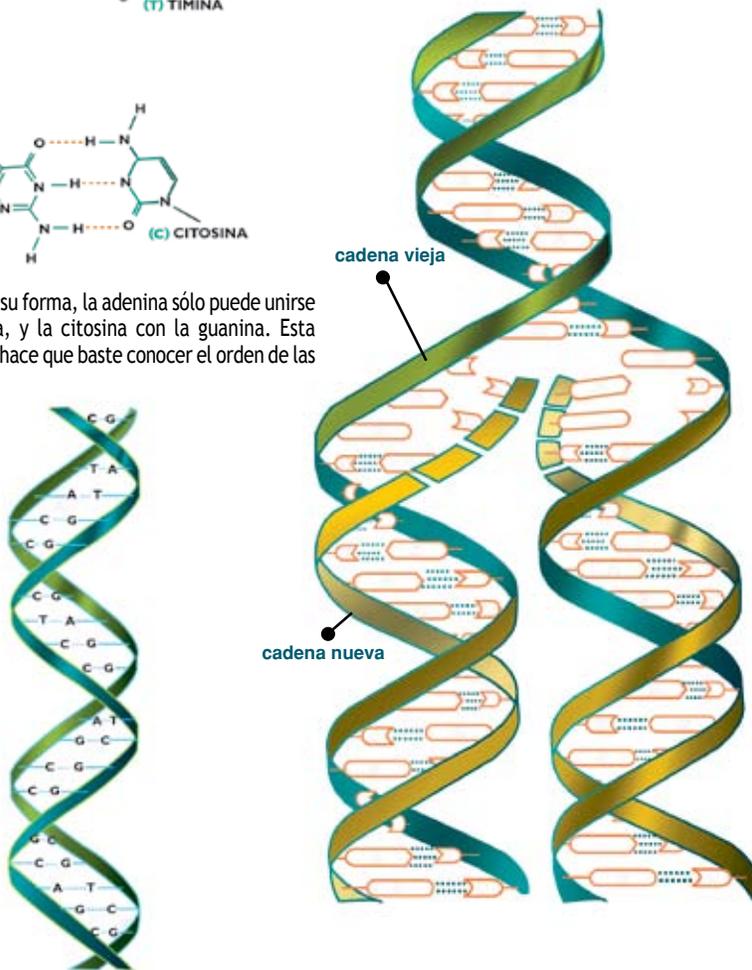
Las cuatro bases nitrogenadas que están presentes en el ADN pueden formar dos pares, unidos por enlaces químicos débiles llamados "puentes de hidrógeno" (representados en la figura como líneas punteadas). De este modo se mantienen unidas las dos cadenas que forman la doble hélice.



Debido a su forma, la adenina sólo puede unirse con la timina, y la citosina con la guanina. Esta especificidad hace que baste conocer el orden de las

bases de una de las cadenas para poder construir la cadena complementaria que se unirá a ella.

Hoy se sabe que cuando el ADN se duplica dentro de la célula, sus dos cadenas se desenrollan y se separan, y se construyen dos nuevas cadenas utilizando como moldes las originales. El resultado son dos nuevas doble hélices, cada una formada por una cadena nueva y otra vieja, que contienen exactamente la misma información genética.



que el ADN tuviera forma de hélice. Pero la fotografía de la estructura B mostraba claramente una serie de manchas en forma de cruz, lo que para los expertos era señal inequívoca de una estructura helicoidal.

Haciendo una serie de cálculos, Watson y Crick lograron extraer más información útil de la fotografía: averiguaron que las bases estaban agrupadas en el centro de la molécula, igual que los escalones de una escalera de caracol, con los "barandales"

de fosfatos y desoxirribosas hacia afuera. Pudieron medir la distancia que separaba estos "escalones", y midieron también el diámetro de la hélice.

Pero seguía faltando lo más importante: descubrir cómo podía acomodarse exactamente cada átomo de las cadenas para producir las manchas que se observaban en la fotografía de la estructura B.

Aunque todavía no era evidente cuántas cadenas formaban la hélice, Watson

decidió tratar de construir un modelo de dos cadenas. Como no contaba con versiones a escala de las bases, recortó unas en cartulina y comenzó a probar cómo podían acomodarse en el centro de la hélice.

Hizo un intento de acomodar las bases en pares, como los dientes de un cierre o cremallera. Recordando la hélice alfa de Pauling, pensó que quizá las bases de un tipo formaban puentes de hidrógeno entre sí (por ejemplo, adenina con adenina y guanina con guanina). De este modo, los enlaces entre las bases proporcionarían la estabilidad para unir las dos cadenas y formar una hélice doble.

En ese momento, Watson comenzó a emocionarse. Si su idea era correcta, la estructura del ADN podría ser más interesante de lo que él y Crick habían supuesto en un principio: bastaría con tener una de las dos cadenas de la doble hélice y ésta serviría como "molde" para poder construir la cadena complementaria. Era posible que la molécula de ADN pudiera de esta manera copiarse a sí misma, y con ello quizá podría explicarse la base de la herencia biológica.

Sin embargo, había un problema: como las bases púricas (adenina y guanina) son más grandes que las pirimídicas (timina y citosina), el ancho de la doble hélice variaba según el tipo de bases que se presentaran: cuando eran dos púricas, la hélice era demasiado ancha, y demasiado delgada con dos pirimídicas. Sin embargo, la solución estaba al alcance de la mano. El 28 de febrero, Watson y Crick pudieron anunciar, orgullosamente, que "habían descubierto el secreto de la vida".

La molécula más bella del mundo

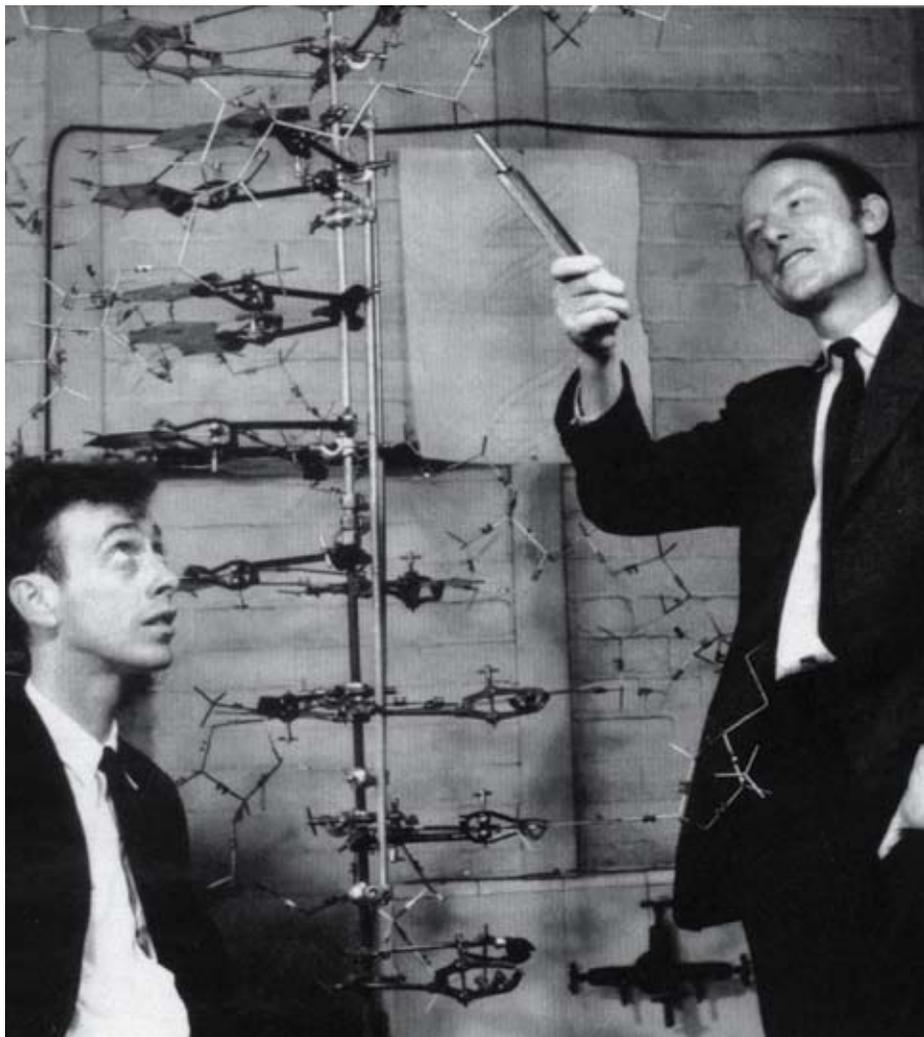
Quizá la característica más impresionante de la molécula de ADN es su belleza. Se trata de una estructura simétrica, armoniosa, que impresiona con su mezcla de sencillez y complejidad. Cuando Crick y Watson la observaron por primera vez, pensaron, entusiasmados que "una estructura tan bonita tenía, por fuerza, que existir".

Pero la belleza de la molécula no se halla sólo en su forma: también radica en la casi increíble simplicidad con que se reproduce a sí misma, conservando el orden de sus bases —la información genética— a lo largo de millones de generaciones.

Cuando Watson, jugando con sus modelos, se topó con la idea fallida de la unión entre bases iguales, faltaban sólo unos pocos ajustes para dar con la estructura correcta. En poco tiempo se dio cuenta de que también podían formarse otro tipo de pares unidos por puentes de hidrógeno, esta vez uniendo una base púrica con una pirimídica: la adenina podía unirse perfectamente sólo con la timina, y la guanina sólo con la citosina.

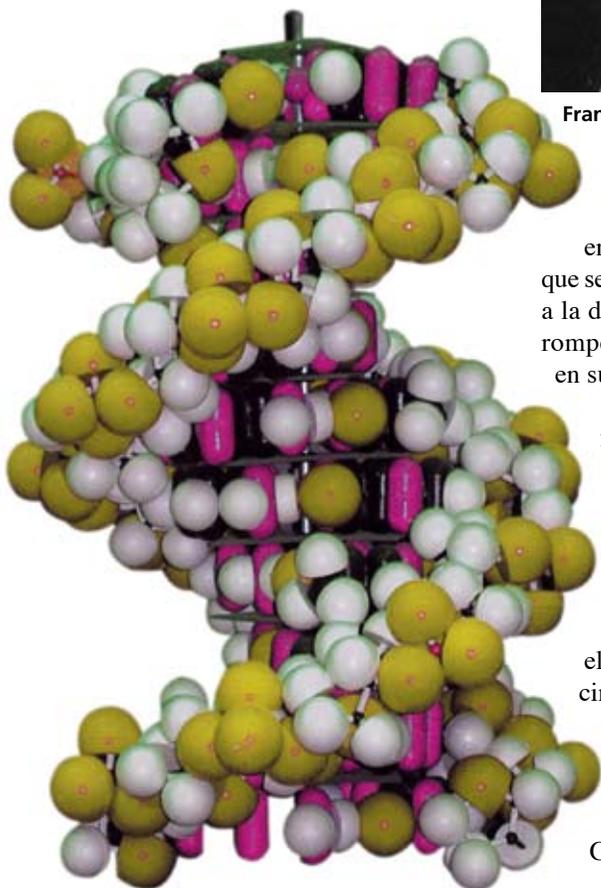
Inmediatamente se lo comunicó a Crick, quien verificó que con los nuevos pares de bases podía construirse una hélice estable. También se dieron cuenta de que esta nueva configuración resolvía el problema del ancho de la molécula (ahora todos los “escalones” de la escalera de caracol eran del mismo ancho, formados por una base grande y otra pequeña). Y por si fuera poco, seguía permitiendo que una cadena sirviera como molde para construir la otra. Sólo que ahora, en vez de que el orden de las bases fuera idéntico, las dos cadenas eran complementarias (véase recuadro, página 15).

Pero había algo más importante todavía: la nueva estructura explicaba, en forma totalmente natural, las extrañas



Francis Crick y James Watson con su modelo del ADN, en el Laboratorio Cavendish.

Foto: Antony Barrington



reglas de Chargaff: ahora estaba claro por qué la cantidad de adenina en cualquier molécula de ADN *tenía* que ser igual a la de timina, y la de guanina a la de citosina. Las piezas sobrantes del rompecabezas finalmente habían caído en su lugar.

A partir de ese momento, la ruta fue directa. El modelo de la doble hélice fue comprobado ampliamente en los años siguientes, y abrió nuevas y prometedoras vías de investigación. Nueve años después, en 1962, James Watson, Francis Crick y Maurice Wilkins recibieron el premio Nobel de fisiología o medicina por su descubrimiento. Rosalind Franklin había muerto en 1958.

Con base en conocimientos de química y datos físicos obtenidos por Franklin y Wilkins, Watson y Crick pudieron desentrañar el más

profundo secreto de la biología. El resultado fue de una simplicidad admirable. Al igual que el físico Fritz Houtermans, quien en 1929 fue el primero en desentrañar la cadena de reacciones nucleares que hacen que el Sol brille, Crick y Watson pudieron enorgullecerse de ser los primeros en deslumbrarse con la belleza de la doble hélice, situada en el núcleo mismo de la vida. Desde entonces, y hasta llegar a la actual era de la genética, la perfección de esta molécula sigue fascinando a quienes la conocemos. Entender la doble hélice, puente entre la química y la biología, es admirarla. ◀

Martín Bonfil Olivera es químico farmacéutico biólogo y divulgador de la ciencia. Trabaja en la Dirección General de Divulgación de la Ciencia, UNAM. Colabora con diversas publicaciones y escribe la columna mensual “Ojo de mosca” en ¿Cómo ves?
Comentarios: mbonfil@servidor.unam.mx