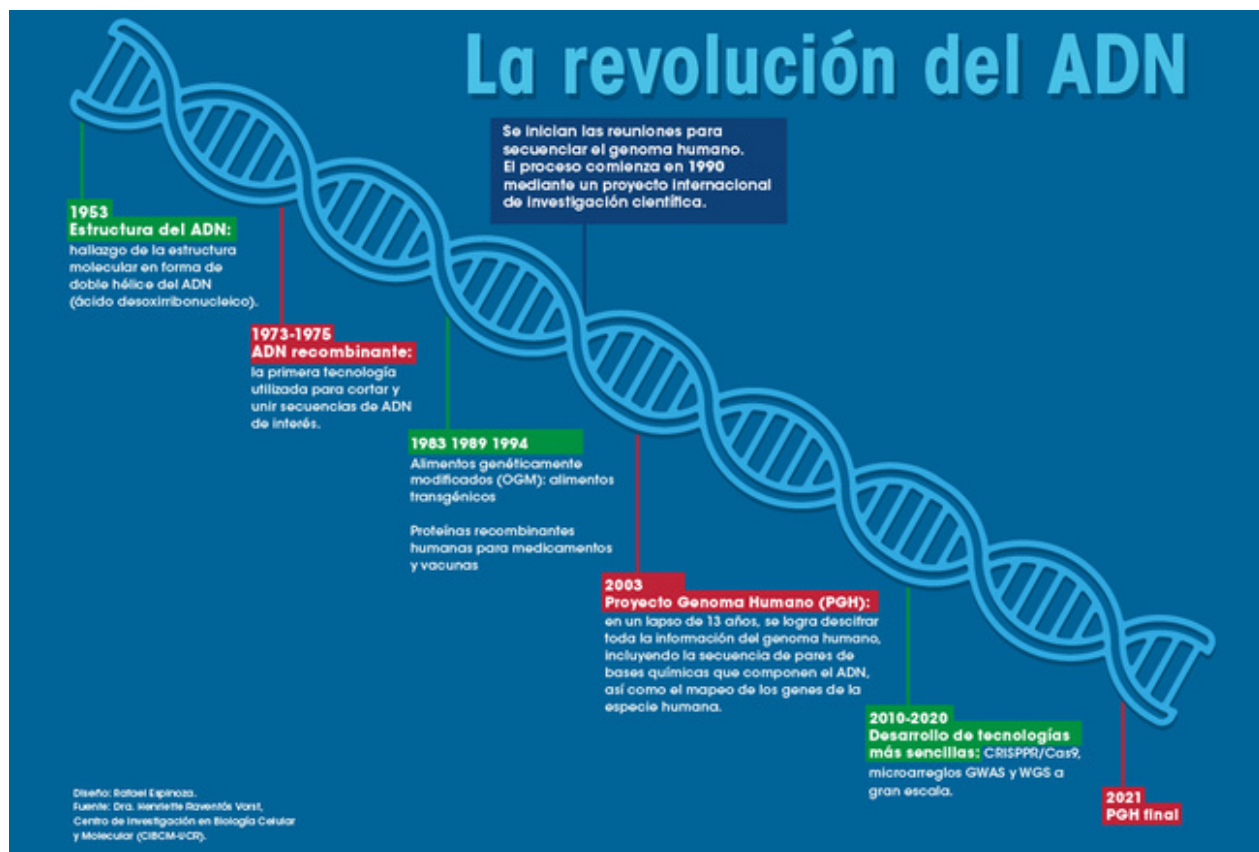




A 70 años del descubrimiento de la estructura del ADN

La revolución del ADN ha implicado el desarrollo de la biología molecular y, en general, de las ciencias biomédicas, en especial de la genética.

13 OCT 2023 Ciencia y Tecnología



Hace 70 años, el estadounidense James Watson y el británico Francis Crick dieron a conocer al mundo su hallazgo de la **estructura molecular en forma de doble hélice del ADN**, que le permite a este replicarse y traspasar información de una generación a otra.

Se trataba de uno de los **hitos históricos de la ciencia**, pues dicha molécula es la que contiene la información genética de todos los seres vivos y de algunos virus (algunos son de ARN, en lugar de ADN). El ARN es uno de los dos tipos de ácido nucleico que elaboran las células, participa en la síntesis de las proteínas y realiza la función de mensajero de la información genética.

Este descubrimiento fue el punto de partida para el **estudio del genoma humano** y determinante para el desarrollo de la **biotecnología moderna**, la **biología molecular** y nuevas disciplinas científicas, como la **proteómica** y la **farmacogenómica**.

Asimismo, propició avances de gran importancia para la humanidad con distintas aplicaciones relacionadas con la reproducción de los seres vivos, la creación de organismos genéticamente modificados, así como el estudio y tratamiento de diversas enfermedades, lo cual ha significado un enorme avance en la medicina.

Por ejemplo, ahora sabemos que prácticamente todas las enfermedades humanas tienen un componente genético, por ejemplo, la esquizofrenia, el cáncer o el autismo.

También sabemos que, en algunos subtipos de estas enfermedades y en algunos cánceres hereditarios, la parte genética es la principal. En otras, es necesario que se sumen o interactúen factores genéticos y psicosociales, como en el caso del trastorno bipolar.

Otras de las derivaciones del descubrimiento de la estructura del ADN son la **producción de vacunas**, como las de **COVID-19 de ARN**, y la **producción de proteínas** de origen humano, como la **insulina** para el tratamiento de las personas con diabetes *mellitus*.

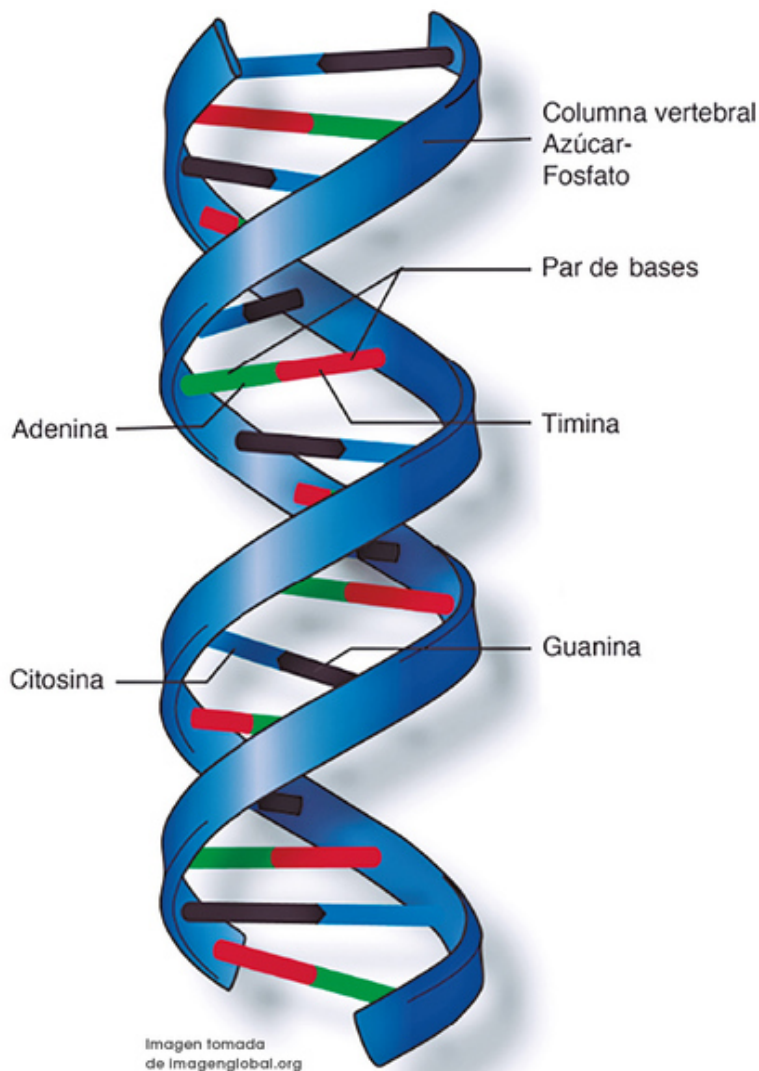
El hallazgo fue publicado el 25 de abril de 1953, en un artículo de solo una página en la revista *Nature*. Sin embargo, dos años antes, en 1951, se había logrado en la Universidad de Cambridge, en el Reino Unido.

“La misma estructura del ADN, como una doble hélice antiparalela, en que una hebra es complementaria a la otra, sugirió inmediatamente cómo la información genética se transmite de una célula madre a sus dos células hijas y cómo la lectura de secciones de estas plantillas, que llamamos genes, contiene las instrucciones para producir las proteínas. Esta estructura dio origen a lo que se conoció como el dogma central de la biología celular, propuesto por Crick en 1970, que del ADN se produce ARN, que a la vez es la instrucción, en su secuencia específica de A, T, C y G, para producir las proteínas”, comentó la Dra. Henriette Raventós Vorst, profesora de la Escuela de Biología e investigadora del Centro de Investigación en Biología Celular y Molecular ([CIBCM](#)), de la Universidad de Costa Rica (UCR).

Por tal descubrimiento, Watson y Crick recibieron el **Premio Nobel de Medicina y Fisiología en 1962**, el cual compartieron con el neozelandés Maurice Wilkins.

Cabe destacar que no fue reconocida la contribución de Rosalind Franklin, discípula de Wilkins, la única mujer del grupo, porque había fallecido cuatro años antes de la entrega del máximo galardón. Wilkins y Franklin aportaron muchas de las imágenes sobre las que Watson y Crick se basaron para descifrar la estructura.

Este 2023 le fue concedido el Premio Nobel de Medicina a Katalin Karikó y Drew Weissman por la vacuna del COVID basada en ARN mensajero.



La escalera de caracol o doble hélice

El ADN determina y nos da nuestra individualidad y nuestros rasgos físicos, que se definen por el número de cromosomas y el orden de las secuencias que contienen.

Dicha molécula fue descubierta por el biólogo suizo Friedrich Miescher en 1869. Él la encontró al analizar los núcleos de las células obtenidas del pus de vendajes quirúrgicos desechados y del espermatozoides del salmón.

En vista de que la halló únicamente en los núcleos, la llamó nucleína. Luego, recibió el nombre de ácido nucleico y, por último, se le denominó ácido desoxirribonucleico (ADN).

En los años 20 del siglo pasado, el bioquímico y médico ruso-estadounidense Phoebus Aaron Levene analizó los componentes del ADN y encontró que se compone de dos cadenas, cada una formada por nucleótidos o unidades. Cada nucleótido, a su vez, está integrado por un azúcar (desoxirribosa), un grupo fosfato y una base nitrogenada. Las bases nitrogenadas son cuatro: adenina (A), timina (T), citosina (C) y guanina (G).

Años después, en 1949, Erwin Chargaff encontró cómo la composición de A era igual a la de T y la de G era igual a la de C en los organismos que analizó.

Watson y Crick descubrieron la forma del ADN al interior de la célula (como una escalera de caracol o hélice doble), que le permite replicarse y traspasar información de una generación a otra, lo cual vino a responder preguntas clave sobre la herencia y cómo la información del ADN es utilizada para la síntesis proteica.

“Gracias al descubrimiento de las enzimas de restricción, que son como tijeras moleculares, se iniciaron las tecnologías conocidas como de ADN recombinante en la década de los setenta. Estas tecnologías permitieron cortar y pegar fragmentos de ADN e introducirlos en otros organismos para producir las proteínas recombinantes, además de estudiar el genoma humano y descubrir los primeros genes causales de algunas enfermedades como la fibrosis quística y la distrofia muscular de Duchenne”, comenta Raventós.

Por supuesto que **la posibilidad de manipular el genoma** de los organismos vivos conlleva una gran responsabilidad de parte de los científicos y científicas, que desde entonces organizan espacios de discusión para definir los límites de la investigación biológica, junto con la sociedad civil y expertos en otras áreas del conocimiento.

Este tema ha sido motivo de **polémica**, tanto dentro como fuera de la comunidad científica, ante algunos procedimientos que **traspasan los límites de la ética científica**.

El último de estos, recuerda la Dra. Raventós, ocurrió en el 2018, cuando He Jiankui afirmó haber modificado genéticamente los embriones de dos gemelas nacidas en octubre de ese mismo año, mediante la técnica de la edición genética.

El genoma humano

El Proyecto del Genoma Humano (PGH) fue una iniciativa de colaboración científica internacional, que mapeó y secuenció por primera vez todos los genes de los seres humanos.

Los científicos tardaron de 1990 al 2003 para descifrar la secuencia de los 3 000 millones de pares de bases del genoma humano. El objetivo del PGH era mapear y secuenciar los 80 000 a 100 000 genes que se creía contenía el genoma humano, es decir, la ubicación en cada uno de los 24 cromosomas.

La importancia de este trabajo estriba en que proveyó información detallada y libre al mundo acerca de la estructura, organización y función del conjunto completo de genes humanos, que resultaron ser poco más de 20 000, lo que ha permitido avanzar el conocimiento sobre la biología humana y la medicina.

“Una de las repercusiones de este avance científico es **identificar posibles alteraciones biológicas originadas por mutaciones de genes específicos y diseñar medicamentos dirigidos a estas alteraciones**. También se esperaba que, si conocíamos los genes con sus variantes anormales, iba a ser posible sustituirlas mediante terapia génica, lo cual ha resultado ser mucho más complejo de lo esperado”, comenta la experta de la UCR.

“El proyecto del genoma humano vino a revolucionar la medicina, no porque tengamos terapias génicas o medicina personalizada, como se predecía, sino por el conocimiento que ha generado. Las tecnologías, cada vez más baratas y rápidas, para estudiar todo el ADN de 50 000, 100 000 o medio millón de personas, con su información clínica y de historia de vida, como es posible ahora con los biobancos de los países que han invertido en esto, permiten identificar cada vez más alteraciones genéticas y sus mecanismos de acción biológicos”, destaca Raventós.

Agrega que **el gran pendiente es estudiar los genomas de otras poblaciones no europeas**, en las que se han realizado la mayoría de estas investigaciones, para identificar las alteraciones genéticas que participan en las enfermedades en población de origen asiático, africano y latinoamericano.

Curiosidades del ADN

- El genoma humano contiene más de **3 000 millones de letras** (C, G, T, A).
- Menos del 2 % de las letras del genoma humano están dedicadas a las proteínas y el **98,5 % son instrucciones**.
- El **99,9 %** de la secuencia del ADN es el mismo en todos los humanos.
- Los **hermanos** comparten el **50 % de los genes**.

Los estudios en la UCR

Con la evolución de la biología molecular y de la genética, **el CIBCM** se ha dedicado al **desarrollo de investigación en estos campos**, tanto básica como aplicada, y con la participación de diversas disciplinas.

Por tanto, las **áreas de investigación que abarca** son biología, genética de plantas y especies amenazadas; virus y otros patógenos de plantas y sus vectores; microbiología ambiental y prospección génica; así como genética y patología humana.

En sus inicios, se gestaron **dos proyectos** que con el paso de los años han tenido mucha **repercusión nacional y fuera de nuestras fronteras**. Uno fue el del **virus del rayado fino del maíz**, que inició el Dr. Rodrigo Gámez Lobo.

El científico identificó un virus que estaba afectando al maíz y, como parte de su estudio, hizo la caracterización molecular del microorganismo.

Otro proyecto histórico fue la enfermedad conocida como la **“sordera de los Monge”**, un mal descrito solo en Costa Rica, investigada por el Dr. Pedro León Azofeifa, fundador y exdirector del CIBCM.

En este caso, se encontró el gen mutado que produce la enfermedad y se determinó cuál era la letra del código genético que estaba alterada.





[Patricia Blanco Picado](#)

Periodista Oficina de Comunicación Institucional
Área de cobertura: ciencias básicas

patricia.blancopicado@ucr.ac.cr

Etiquetas: [adn](#), [genetica](#), [cibcm](#), [investigacion](#).