

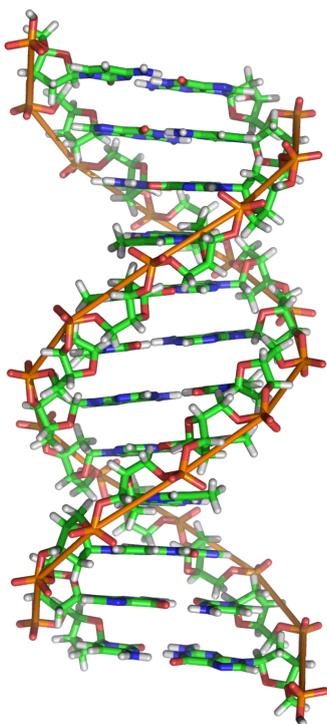
Estructuras moleculares de los ácidos nucleicos.

Una estructura para el ADN.

Por: Susan Karen Pérez Salazar

Fue hace 60 años, el 25 de abril de 1960 que en las páginas de la revista Nature los científicos James Dewey Watson de Estados Unidos y Francis Harry Compton Crick de Inglaterra propusieron una estructura para la que llamaron “sal del ácido desoxirribonucleico” puesto que presentaba características importantes de interés biológico.

Durante los años cuarenta y cincuenta se desarrollaban las investigaciones y propuestas sobre la estructura del ADN. Watson y



Crick no fueron la excepción y se basaron en el modelo propuesto de Pauling y Corey el cual constaba de tres cadenas entrelazadas, con las bases hacia el exterior y los fosfatos en el eje.

Sin embargo, esta estructura no era tan satisfactoria para Watson y Crick por no tener tan clara la interacción entre las fuerzas que mantenían unidas a la estructura y el respaldo por las leyes de las cargas electrostáticas. Analizaron que, si los fosfatos mantenían una carga negativa y estaban en el eje, deberían repelerse por la naturaleza de sus cargas y que el material reproducido en los diagramas de rayos X no correspondían al ácido libre.

La propuesta fue una estructura totalmente diferente ya que constaba de dos cadenas helicoidales enrolladas en torno al mismo eje y al saber que la cadena constaba de grupos diésteres de fosfato unidos a residuos de b-D-Desoxirribofuranosa con enlaces de 3' – 5' se encontraban relacionadas por una *diada** perpendicular al mismo eje siguiendo un giro en sentido de las

manecillas del reloj, con las cadenas corriendo en dirección contraria.

Este modelo se asemejaba al primer modelo de Furberg, con las bases orientadas hacia el interior de la hélice y los fosfatos por fuera. La configuración del azúcar de forma casi perpendicular a la base que tiene adherida y los átomos cercanos a él. En cada cadena existe un residuo 3-4 Armstrong en dirección -z con un ángulo supuesto de 36° y un patrón de repetición cada 10 residuos es decir después de 34 Armstrong.

La estructura propuesta mantiene a las dos cadenas por las bases purínicas y pirimidínicas ordenadas en pares y enlazadas por puentes de hidrógeno con la otra cadena idénticas a la complementaria pero de sentido contrario. Para que el enlace pudiera llevarse a cabo, la

* [DIADA: Pareja de dos seres o cosas estrecha y especialmente vinculados entre sí.]

base de una cadena con la otra debe ser una pirimidina y el otro una purina es decir adenina-timina y guanina-citosina.

Por lo tanto, se podría tener una secuencia específica de las bases la cual determina automáticamente la secuencia de la otra; siendo confirmada dicha suposición por experimentos que demostraban que la proporción en la cantidad de adenina frente a la timina, al igual que, la de la guanina frente a citosina son siempre muy próximas a la unidad en el ácido desoxirribonucleico.

Por lo que el apareamiento específico que sugieren Watson y Crick sugiere la existencia de un mecanismo de copiado de material genético.

En la publicación los científicos agradecen el apoyo brindado al Doctor Jerry Donohue a M.H.F. Wilkins y a la Dra. R. E. Franklin por los resultados de sus experimentos inéditos, así como también a sus colaboradores en el King's College en Londres.

Esta propuesta fue apenas una pe-

queña parte de lo que se desarrollaría en una de las ciencias más interesantes e importantes del siglo XX.



Referencias:

- Watson, J. D., & Crick, F. H. (1953). Molecular structure of nucleic acids. *Nature*, 737-738.

