

# ibio

Los 60 años del  
modelo de la doble  
hélice de Watson y  
Crick.

Transistores de  
ADN: de cara  
al futuro.

Desentrañando  
la hélice: Watson,  
Crick y Franklin

Artículo del mes: clásico  
de la estructura de ácidos  
nucléicos

Pirosecuenciación,  
¿cómo funciona?

Protocolo de figura latente:  
biología molecular a la  
inversa



## Carta editorial

Recordando las palabras de Karl Popper (filósofo, sociólogo y teórico de la ciencia nacido en Austria y ciudadano británico) "Lo que caracteriza al hombre de ciencia no es la posesión del conocimiento o de verdades irrefutables, sino la investigación desinteresada e incesante de la verdad." Presentamos un número especial de iBIO, como homenaje a todas aquellas personas que dedicaron su vida a la investigación en búsqueda de la verdad del Ácido desoxirribonucleico (ADN).

Como tema del mes iBIO presenta "Los 60 años del modelo de la doble hélice de Watson y Crick" en el cual el M. en C. Alfonso Vilchis Peluyera y el Dr. Víctor Valdés López; dos especialistas en el área de biología molecular, genómica evolutiva y comparada, nos exhiben de forma inigualable, una breve historia de los hechos más importantes que fueron determinantes para la formulación del modelo de la estructura del ADN que propusieron Watson y Crick en 1953 y que sigue vigente hasta nuestros días.

Hot Science entra en el campo de la biología sintética con los "Transistores de ADN" resultado del trabajo en equipo de bioingenieros de la Universidad de Standford.

Dentro de nuestra sección ¿Cómo funciona? Presentaremos, especialmente para los interesados en la tecnología de la secuenciación del ADN (a gran escala), los fundamentos de la "Pirosecuenciación 454" abordando también los métodos que le antecedieron y la evolución de los mismos.

Tendremos como Artículo del mes aquel que fue publicado hace 60 años en Nature, que revolucionó la biología y extendió las fronteras del conocimiento, abriendo nuevos campos y que sigue repercutiendo en nuestros días en la búsqueda constante de posibles aplicaciones.

En ¿Y ahora qué? Mariam Lizeth Ruiz Sánchez y Pablo Eduardo Santiago Flores, estudiantes de Ingeniería Biotecnológica, nos platican cómo su espíritu aventurero y el deseo de conocer los llevaron a Polonia y a Bélgica respectivamente, conociendo en su camino a distintas personas que les ayudaron a ampliar su manera de pensar.

Científicos memorables presenta a tres personajes imprescindibles en esta aventura que llevó al descubrimiento de la estructura de la molécula de la vida, hablaremos de Rosalind Elsie Franklin, James Dewey Watson y Francis Harry Compton Crick.

En Cápsulas de ciencia tenemos un poco acerca del origen de los números, asimismo este artículo nos plantea la siguiente pregunta, ¿La matemáticas se descubrieron o se inventaron?

En esta ocasión, en nuestra sección de Arte e ingeniería, se presenta el "Protocolo de Figura Latente" (PFL) el cual utiliza muestras de ADN para crear representaciones de otras imágenes prediseñadas. ¿Quieren saber de qué se trata? No dejen de leer esta sección.

Finalmente, la imagen del mes nos revela una nueva estructura para la molécula que tiene las instrucciones para cada célula; una representación del ADN con cuatro cadenas.

Agradecemos a todos nuestros colaboradores y lectores que nos han brindado su apoyo en este proyecto, el cual ha tenido grandes alcances que sin duda alguna son fruto de la participación de cada uno de ustedes, haciendo posible este segundo número, ya que al compartir con nosotros sus artículos y sugerencias nos han abierto las puertas a nuevos conocimientos, que representan un importante acervo científico para toda la comunidad.

Lilian Navarro Rojas

## CONTENIDO

### EL TEMA DEL MES

02 Los 60 años del modelo de la doble hélice de Watson y Crick

### ¿CÓMO FUNCIONA?

07 Pirosecuenciación GS-FLX [454]

### HOT SCIENCE

09 Transistores de ADN: de cara al futuro

### ¿Y AHORA QUÉ?

12 Movilidad.

### CIENTÍFICOS NOTABLES

14 Desentrañando la hélice: Watson, Crick y Franklin

### CÁPSULAS DE CIENCIA

18 Números

### ARTE E INGENIERÍA

21 Protocolo de figura latente

### ARTÍCULO DEL MES

22 Estructura molecular de los ácidos nucleicos

### AGENDA

24 Mayo 2013.

## DIRECTORIO

### Director

Lilian Navarro Rojas

### Subdirector

Isauro Guzmán Cortez

### Diseño y Maquetación

Erick Conchucos ortiz

### Consejero Editorial

Noé Durán Figueroa

### Redactores

Alexis Cruz Herrera

Alejandro Galindo García

Iván Flores Rosales

Luis Yair Martínez Córdova

Susan K. Pérez Salazar

Erick N. Sánchez Sánchez

Pablo Eduardo Santiago Flores

Mariam Lizeth Ruíz Sánchez

Víctor Valdés López

Alfonso Vilchis Peluyera

Jazmín Zúñiga Zamudio

### Corrector

Héctor Molina Jiménez

### Comité de jefes de carrera

Enrique Hernández García

Verónica Luna Fontaine

Sergio Nájera Esquivel

María G. Ordorica Morales

Jorge Yáñez Fernández



# Los 60 años del modelo de la doble hélice de Watson y Crick.



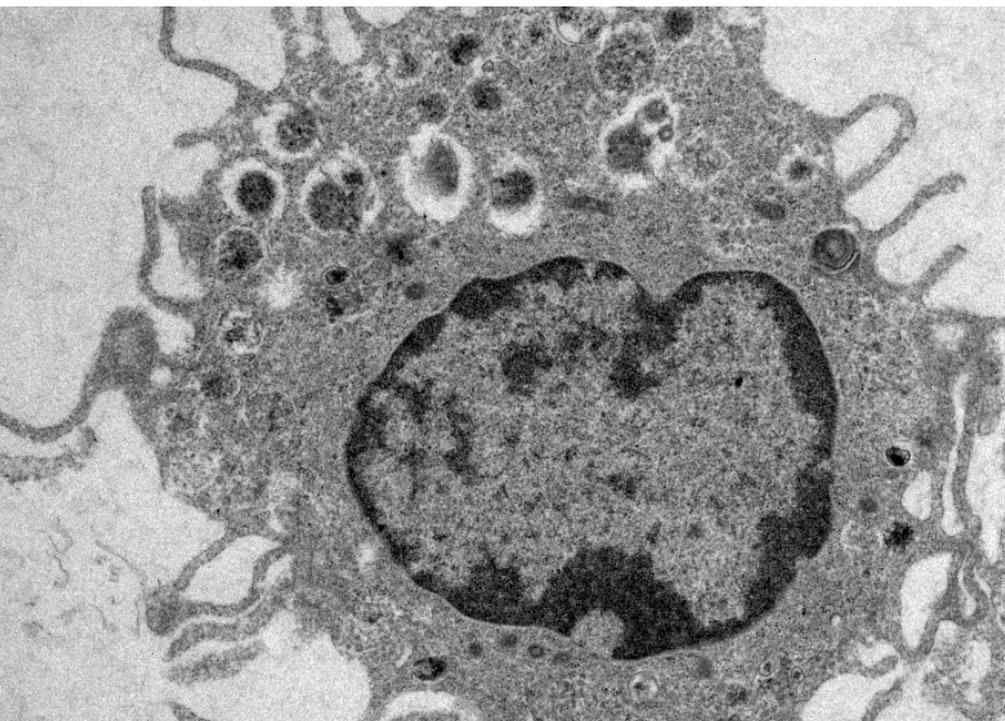
Como toda historia interesante, la historia del ADN comienza en un castillo, el castillo de Tubinga, en Alemania; en los sótanos de este castillo medieval, convertidos en laboratorios de fisiología química – lo que más tarde se conocería como bioquímica –, un médico suizo, Friedrich Miescher, aisló por primera vez, en 1869, un compuesto proveniente de núcleos de linfocitos, al que denominó “nucleína” y que posteriormente cambiaría su nombre por el de “ácidos nucleicos”. El objetivo de Miescher era

estudiar la composición química de las células, y con este fin, consiguió trabajar con uno de los pioneros de la fisiología química, el Dr. Félix Hoppe-Seyler.

En el curso de su trabajo con núcleos de linfocitos, Miescher observó la precipitación de una sustancia cuando el líquido que contenía los núcleos se trataba con ácidos y que se disolvía cuando se le agre-

gaba una solución alcalina; de esta manera, y después de realizar diversas pruebas con soluciones ácidas y salinas y observar que la misteriosa sustancia era insoluble en estas condiciones, llevó a cabo una última prueba: ver si la sustancia era digerida por una proteasa – la pepsina – y resultó que era resistente a esta enzima. Al hacer el estudio de la composición química elemental de la sustancia problema encontró la presencia de elementos como carbono, oxígeno, hidrógeno y nitrógeno, pero, a diferencia de las proteínas, no encontró azufre, sino una gran cantidad de fósforo, lo cual llevó a Miescher a concluir que “... estamos trabajando con una entidad *sui generis* no comparable con cualquier grupo conocido hasta ahora”. A partir de estas

*[Friedrich Miescher bautizó a la misteriosa sustancia como “nucleína”. Era el otoño de 1869 y había “nacido” el ADN.]*



observaciones, Friedrich Miescher bautizó a la misteriosa sustancia como “nucleína”. Era el otoño de 1869 y había “nacido” el ADN.

Posteriormente al trabajo de Miescher, otro investigador del laboratorio de Hoppe-Seyler, Albrecht Kossel, descubrió que los ácidos nucleicos estaban compuestos por cinco bases diferentes (hoy conocidas como adenina, timina, guanina, citosina y uracilo - éste último presente en el RNA -, las cuales se descubrieron de manera independiente), fósforo y azúcar; a la unión de la base nitrogenada, el azúcar (desoxirribosa en el ADN y ribosa en el RNA) y el grupo fosfato se le denomina nucleótido. A partir de este descubrimiento, un químico orgánico lituano-norteamericano, Phoebus Levene, propuso que la estructura del ADN estaba conformada por la repetición de los cuatro nucleótidos y esto fue conocido como la “hipótesis del tetranucleótido”; esta hipótesis consideraba a los ácidos nucleicos como parte del andamiaje de los cromosomas, confiriéndoles un papel meramente estructural y no genético por una razón intuitivamente aceptable: si las proteínas estaban constituidas por veinte aminoácidos (20 unidades) y los ácidos nucleicos por sólo cuatro nucleótidos (4 unidades), lo más razonable era considerar que las instrucciones genéticas tendrían que ser codificadas por las proteí-

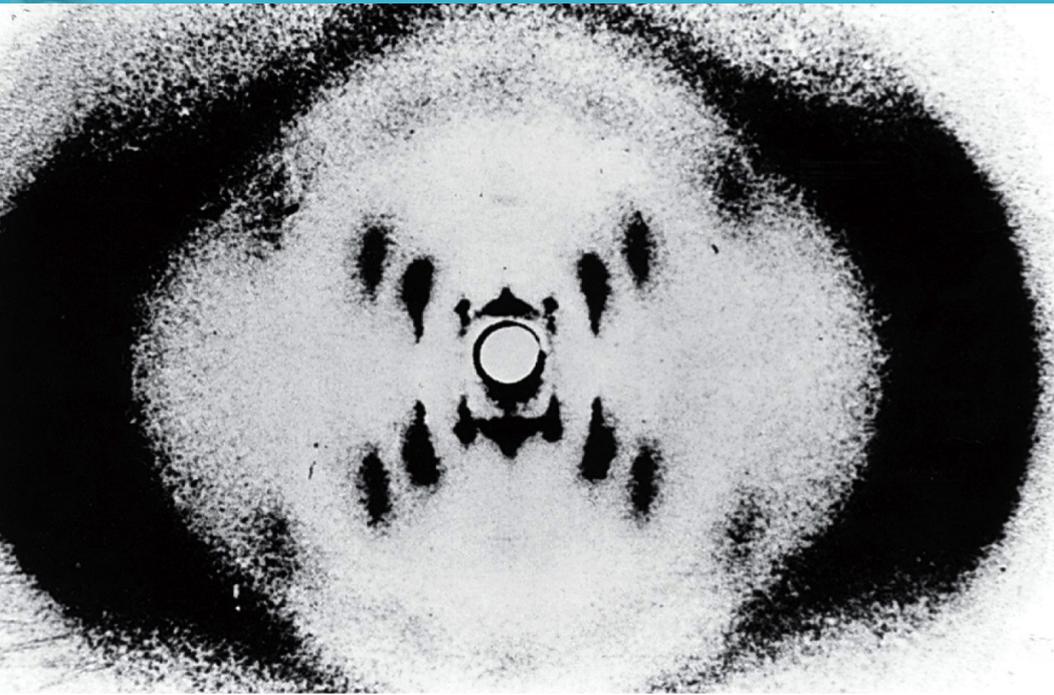
nas y no por los ácidos nucleicos. Esta visión se mantuvo hasta 1944, cuando Oswald Avery y colaboradores demostraron que la sustancia bioquímica –“el principio transformante” - capaz de modificar las características genéticas de bacterias – en este caso pneumococos -, era ADN y no proteína.

Este fenómeno biológico había sido descubierto en la década de 1920 por un bacteriólogo inglés, Frederick Griffith, al inyectar a ratones dos tipos de pneumococos: bacterias virulentas muertas por calor junto con bacterias no virulentas vivas. Muchos ratones murieron después de cierto tiempo y en el tejido cardíaco encontró gran cantidad de bacterias vivas virulentas, causantes de la muerte de los ratones. Lo que Griffith descubrió fue que durante la infección, las bacterias muertas por calor habían “transmitido” su capacidad patológica a las bacterias no virulentas,

es decir, las habían “transformado” y esta capacidad virulenta se mantenía a través de generaciones. Lo que Oswald Avery se propuso hacer fue tratar de descubrir la “naturaleza química” del principio “transformante”, el cual resultó ser ADN. Ocho años después de la publicación del trabajo de Avery, MacLeod y McCarthy, dos investigadores norteamericanos, Alfred Hershey y Martha Chase, confirmaron los resultados de Avery y colaboradores al demostrar que cuando bacterias como *Escherichia coli* son infectadas con bacteriófagos (virus que se multiplican en el interior de las bacterias y las matan), el material genético del

**[“El principio transformante” capaz de modificar las características genéticas de bacterias, era ADN y no proteína.]**





fago, en este caso ADN, es el único componente que penetra en la bacteria, mientras que la cápside o envoltura del bacteriófago – compuesta por proteína – no penetra al interior; este experimento demostró que el ADN es el único responsable de la actividad genética de estos virus bacterianos.

Mientras la evidencia genética y bioquímica se iba acumulando en torno al ADN como el material hereditario, los estudios sobre su estructura física se llevaban a cabo en Inglaterra utilizando la técnica de difracción de rayos X, desarrollada por Henry y Lawrence Bragg, padre e hijo, respectivamente, a principios del siglo XX. Con esta técnica es posible resolver la estructura de una molécula o macromolécula haciendo uso de los patrones de difracción de los rayos X al atravesar una estructura cris-

talina o fibrilar - como es el caso del ADN -. Desde luego que la técnica o conjunto de técnicas implicadas en la cristalografía de rayos X requieren un conocimiento profundo de cristalografía, física y matemáticas, razón por la cual, hacia principios de la década de 1950 existían muy pocos especialistas en esta área. Entre ellos estaba Francis Crick, físico británico que había desarrollado diversos métodos matemáticos para la interpretación de los patrones de difracción de rayos X.

Cuando el biólogo norteamericano James Watson se unió al laboratorio Cavendish, de la Universidad de Cambridge, donde trabajaba F. Crick, comenzó una labor de cooperación entre ambos científicos que desembocó en la construcción de un modelo de una doble hélice de la posible estructura del ADN;

este modelo fue construido a partir de los datos de imágenes de difracción obtenidas por Rosalind Franklin y su colaborador Raymond Gosling en el King's College en Londres. En el modelo de la estructura del ADN también está reflejada la regla de simetría de Erwin Chargaff, bioquímico austriaco que había descubierto que en el ADN, las cantidades molares de adenina eran equivalentes a las de timina y lo mismo observó para el par citosina – guanina. Al cons-

*[Este modelo fue construido a partir de los datos de imágenes de difracción.]*

truir el modelo, Watson y Crick observaron que únicamente el apareamiento entre las bases adenina – timina y citosina – guanina era compatible con las distancias entre átomos de las dos cadenas. Vale la pena enfatizar que los resultados del Profesor Chargaff fueron fundamentales para la propuesta del modelo.

Las características del modelo de la doble hélice son ampliamente conocidas y brevemente consiste de dos cadenas polinucleotídicas, complementarias y antiparalelas. Un punto importantísimo del modelo de Watson – Crick es que aunque la alternancia de pares de bases no sigue ninguna regla

o restricción, la configuración de una cadena establece -por complementariedad específica-, la configuración, esto es, el orden de las bases de la cadena contraria. Esta característica primordial del ADN sugiere, como indicaron en su histórico artículo de abril de 1953 Watson y Crick, “un posible mecanismo para el copiado del material genético”.

A partir de este momento, la biología molecular se despliega en varias direcciones de investigación: la búsqueda de un código que relacione la información contenida en

*[Los resultados del Profesor Chargaff fueron fundamentales para la propuesta del modelo.]*

la secuencia de bases en el ADN con las secuencias de aminoácidos en las proteínas, esto es, el desciframiento de un código genético; la investigación de los mecanismos bioquímicos mediante los cuales el ADN se replica, lo cual se puede considerar como la base molecular de la herencia; el descubrir cómo la información contenida en el ADN se transcribe a otro ácido nucleico denominado RNA mensajero y su papel en la síntesis de proteínas; y, por último, cómo se regula la expresión de los genes, es decir, mediante cuáles meca-

nismos la información que portan los genes se adecúa a los requerimientos fisiológicos de la célula; este problema involucra tanto a los mecanismos de acción de los genes como a los mecanismos bioquímicos que integran el metabolismo. Dicho de otro modo, el modelo de la doble hélice permite postular los mecanismos moleculares mediante los cuales la información genética se transmite de generación en generación y también cómo es que esta información se expresa en cada individuo. En pocas palabras explica a nivel molecular, las reglas informacionales de la filogenia y de la ontogenia.

Es necesario mencionar en este lugar los avances metodológicos y descubrimientos de primer orden que se llevaron a cabo entre 1953 y mediados de la década de 1970 y los cuales representaron la plataforma para el desarrollo de la biología: las técnicas de secuenciación de proteínas y de ADN, ambas debidas a Frederick Sanger, bioquímico británico; las técnicas de hibridación de ácidos nucleicos, desarrolladas inicialmente por Roy Britten, David Kohne y Eric Davidson con ADN en solución y más tarde por Edwin Southern con ADN en matrices sólidas; la técnica de síntesis química de ADN, desarrollada por H. Gobind Khorana, el creador del primer gen sintético así como el descubrimiento de las endonucleasas de restricción (enzimas que cortan el ADN

en sitios específicos) por Werner Arber, Daniel Nathans y Hamilton Smith y el descubrimiento de plásmidos bacterianos (moléculas extracromosómicas de ADN con replicación independiente y capaces de servir como vectores para la incorporación y multiplicación de ADN proveniente de otro organismo) por parte de Joshua Lederberg, Allan Campbell, Aaron Novick y Stanley Cohen. Finalmente, la técnica desarrollada por Kary Mullis en 1983 y denominada “reacción en cadena de la polimerasa” significó un gran avance para el aislamiento, la identificación y la amplificación de secuencias de ADN.

A mediados de la década de 1970 nace la ingeniería genética, también llamada “técnica del ADN recombinante”, cuando dos biólogos moleculares, Herbert Boyer y Stanley Cohen, introducen en un



plásmido bacteriano un segmento de ADN proveniente del sapo africano *Xenopus laevis*; después, el plásmido lo introducen en la bacteria *Escherichia coli* y al multiplicarse ésta y el plásmido también se obtienen múltiples copias del ADN foráneo. Con esto nació la clonación molecular y la posibilidad no sólo de aislar genes y multiplicarlos en bacterias o levaduras sino de que estos genes se expresen y generen proteínas. Las dos primeras proteínas generadas por ingeniería genética fueron la somatostatina – hormona que regula la actividad pancreática, entre otras funciones –, y la insulina, que es la hormona reguladora del metabolismo de carbohidratos. Aquí también nace la biotecnología moderna, al utilizar organismos modificados genéticamente para la producción de múltiples productos o su utilización en diversos procesos. Un término general que define a este tipo de organismos es el de “transgénico”, ya sean sistemas virales, microbianos (bacterias y levaduras) o multicelulares (hongos, plantas y animales). Su impacto en las ciencias biomédicas, en la industria farmacéutica y en la agricultura, entre otras áreas, ha sido impresionante, aunque no exento de polémicas.

Por otra parte, la automatización de las técnicas de secuenciación del ADN condujo a la obtención de las secuencias de genomas

completos de diversos organismos durante la década de 1990, culminando con la publicación de la secuencia del genoma humano en el año 2001.

Desde esta fecha hasta la actualidad, el análisis de nuestro genoma ha mostrado resultados inesperados: tenemos escasos 21,000 genes, muchos menos que el arroz, *Oriza sativa* (51,000 genes) o el ratón, *Mus musculus* (30,000 genes) o una planta, *Arabidopsis thaliana* (25,000 genes). Anteriormente se había considerado que la mayor parte del genoma humano carecía de función, y debido a esta suposición se acuñó el término de “ADN basura”; los últimos análisis publicados sobre nuestro genoma apuntan en dirección totalmente contraria: 80% del genoma contiene secuencias relacionadas con alguna función bioquímica, existien-

do numerosas zonas genómicas en las cuales se transcriben diversos RNAs que no son traducidos a proteína, sugiriendo un papel regulador para estos transcritos. Apenas comienza a emerger el mensaje de nuestro genoma.

Después de sesenta años conviviendo con la doble hélice, podemos concluir que el descubrimiento de Watson y Crick representa la mayor revolución dentro del campo de la biología después de la teoría de la evolución de Charles Darwin, y es el punto de partida de una nueva comprensión de la vida a nivel molecular, bioquímico, genético, embriológico, orgánico y evolutivo. Así como la física no volvería a ser la misma después de Albert Einstein y el desarrollo de la mecánica cuántica, así la biología no volvería a ser la misma después de James Watson y Francis Crick.



# Pirosecuenciación

## GS-FLX (454)

Por: Iván Flores Rosales

Sin duda alguna uno de los factores más importantes que desencadenó la mejora continua de los métodos de secuenciación de ADN fue el HGP (Proyecto de Secuenciación del Genoma Humano por sus siglas en inglés). Con una inversión de más de 3 mil millones de dólares durante un tiempo de investigación de 15 años, se secuenciaron cerca de 3 mil millones de bases, es decir, 1 dólar por base; esto requirió la creación de métodos más rápidos, eficientes y baratos.

Esta tarea hubiese sido demasiado complicada hace 35 años, ya que la primera generación de secuenciación desarrollada por Sanger contaba con una capacidad de lectura de 80 bases mediante un método manual, tedioso y peligroso debido a la utilización de componentes radioactivos.

En los 90's con el comienzo de investigaciones que requerían secuenciación se promovió la mejora de estos métodos, y mediante la implementación de didesoxinucleótidos con fluorescencia y con la mejora y automatización del proceso

se logró secuenciar hasta 96 muestras de ADN en pocas horas, procesando entre 500 y 1000 bases, pero aun así a un precio muy alto; llegando al límite de esta generación, publicando en el año 1995 el primer genoma secuenciado *Haemophilus influenzae* y comenzando entonces con el HGP.

La siguiente generación fue la primera en lograr la introducción comercial mediante el sistema Roche™ GS-FLX (454) en el 2004 utilizando una tecnología alternativa conocida como pirosecuenciación.

### La Secuenciación 454 involucra 3 pasos principales:

#### Generación de la librería de muestras.

Nebulización de la muestra y unión de adaptadores, posteriormente se realiza una emulsión con perlas, las cuales funcionarán como microrreactores donde se realizara la amplificación clonal mediante PCR.

#### Reacción de Pirosecuenciación.

Las perlas son transferidas a la placa para su posterior secuenciación, en conjunto con ATP Sulfurilasa, Luciferasa y Polimerasa; la adición de cada nucleótido produce una señal de luz, la cual es capturada por una cámara incluida en el equipo.

#### Procesamiento de datos.

Los datos son analizados a profundidad con herramientas bioinformáticas, para el mapeo de la muestra analizada.

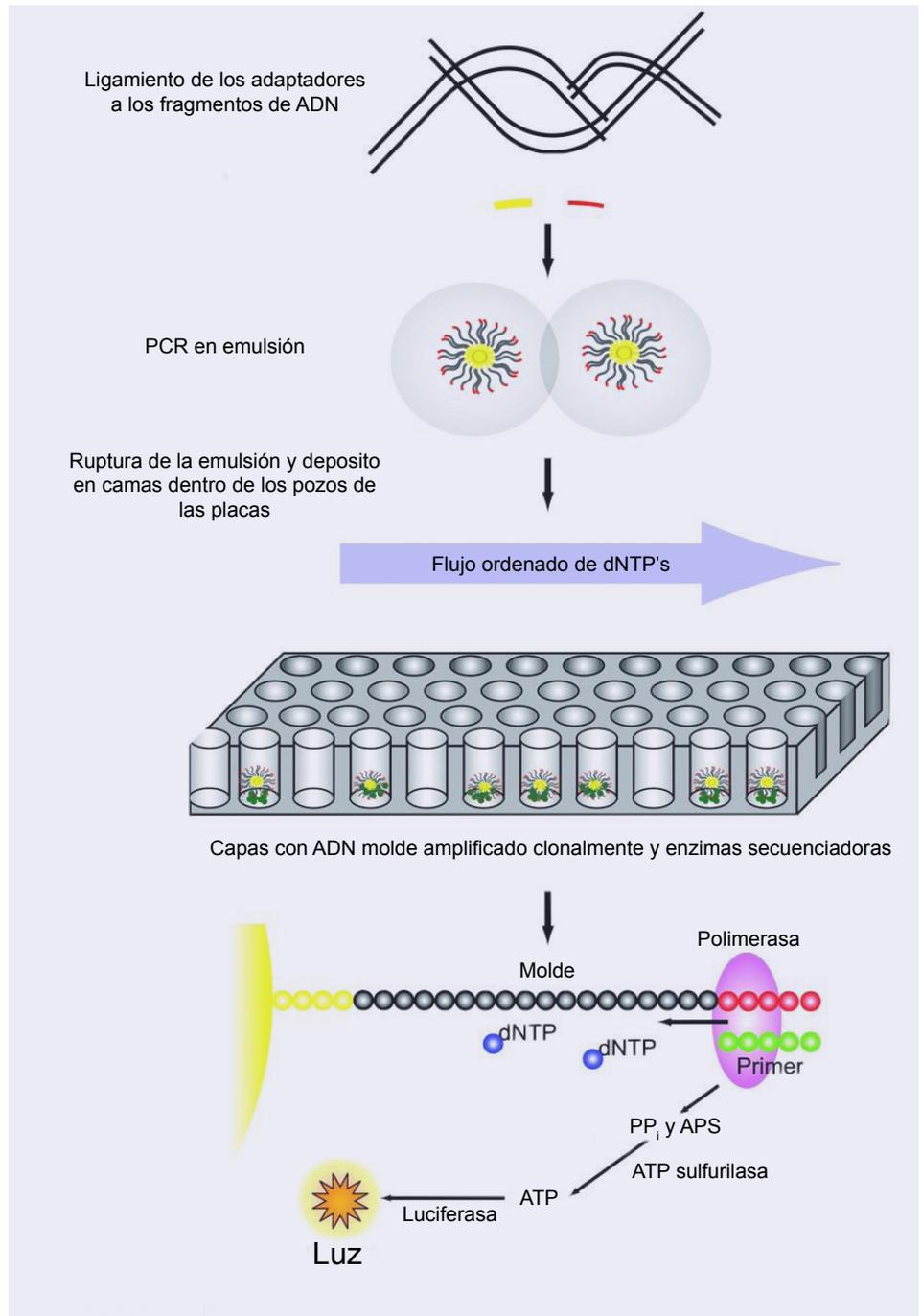
Éste es el método con mayor cobertura dentro de esta generación, disminuyendo entonces el costo a 0.01 dólares por base. (Enlace recomendado: <http://454.com/products/technology.asp>)

Actualmente con el propósito de abaratar los métodos y aumentar la fiabilidad de los mismos se han desarrollado los métodos de tercera generación basados en la secuenciación de una sola molécula de ADN (single molecule real time sequencing), esta tecnología desarrollada por Helicos BioSciences™ se basa en

la secuenciación a tiempo real de miles de millones de pequeñas moléculas únicas de ADN adheridas a una superficie sólida. Esta tecnología es recomendada para secuenciación de genomas y no para la secuenciación de nuevo.

Pacific Biosciences™ ha desarrollado una tecnología capaz de leer hasta 1000 nucleótidos de golpe, todo esto aunado a la desmesurada velocidad de desarrollo de la nanotecnología y la microscopia, hacen posible creer que en pocos años la secuenciación del genoma humano se realice en unas cuantas horas con un costo inferior a \$1000 dólares a diferencia de los 15 años y 3 mil millones de dólares invertidos en el HGP.

Sin duda alguna los métodos de secuenciación han permitido realizar investigaciones que hace unas cuantas décadas parecían inalcanzables; transcriptómica, el análisis de variabilidad, y los análisis de metagenómica.



**Referencias:**

Venter JC, Adams MD, Myers EW, Li PW, Mural RJ, et al. (2001). The sequence of the human genome. *Science* 291:1304–51

National Human Genome Research Institute (2010) The Human Genome Project Completion, consultado el jueves 18 de abril, <http://www.genome.gov/11006943>

Sanger, F., Nicklen S., Coulson, AR. (1977) DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proc Natl. Acad. Sci. USA*, 74: 5463-5467

Mardis Elaine R. (2008) (Departments of Genetics and Molecular Microbiology and Genome Sequencing Center, Washington University School of Medicine) Next-Generation DNA Sequencing Methods *Annu. Rev. Genomics Hum. Genet.* 9:387–402

Roche Diagnostics Corporation. (s.f.). 454 Sequencing: The technology. Recuperado el 16 de Abril de 2013, de <http://454.com/products/technology.asp>

# Transistores de ADN:

Por: Jazmin Zúñiga Zamudio.

## de cara al futuro

[Las puertas lógicas genéticas permitirán programar a la célula como sistema de alerta temprana de una enfermedad, o simplemente como herramientas de diagnóstico]

Una noticia reciente cuyo contexto parece salir de una historia de ciencia ficción, se dio cuando un equipo de bioingenieros de la Universidad de Stanford anunció en la revista Science en su edición del 28 de marzo, el desarrollo del primer transistor biológico de la industria: el “Transcriptor”.

Así como a principios de los sesenta el transistor revolucionó los campos de la electrónica y de la informática, el transistor biológico de ADN podría cambiar muchos campos de la ciencia y la tecnología al poder ser utilizado para crear computadoras y sensores con características biológicas.

### ¿Cuál es el fundamento del Transcriptor?

De manera similar a un transistor electrónico que controla el flujo de la electricidad y actúa como un interruptor de encendido-apagado, con el Transcriptor se controla el flujo de la ARN polimerasa mientras viaja a lo largo de una cadena de ADN mediante un grupo de enzimas llamadas integrasas.

Los científicos utilizaron en su estudio la bacteria *Escherichia coli*. Para ello recrearon en la célula del microorganismo el funcionamiento de un transistor en el que hebras de ADN sustituyen los cables metálicos por

los que pasa el flujo de electrones, y estos son reemplazados por una proteína.

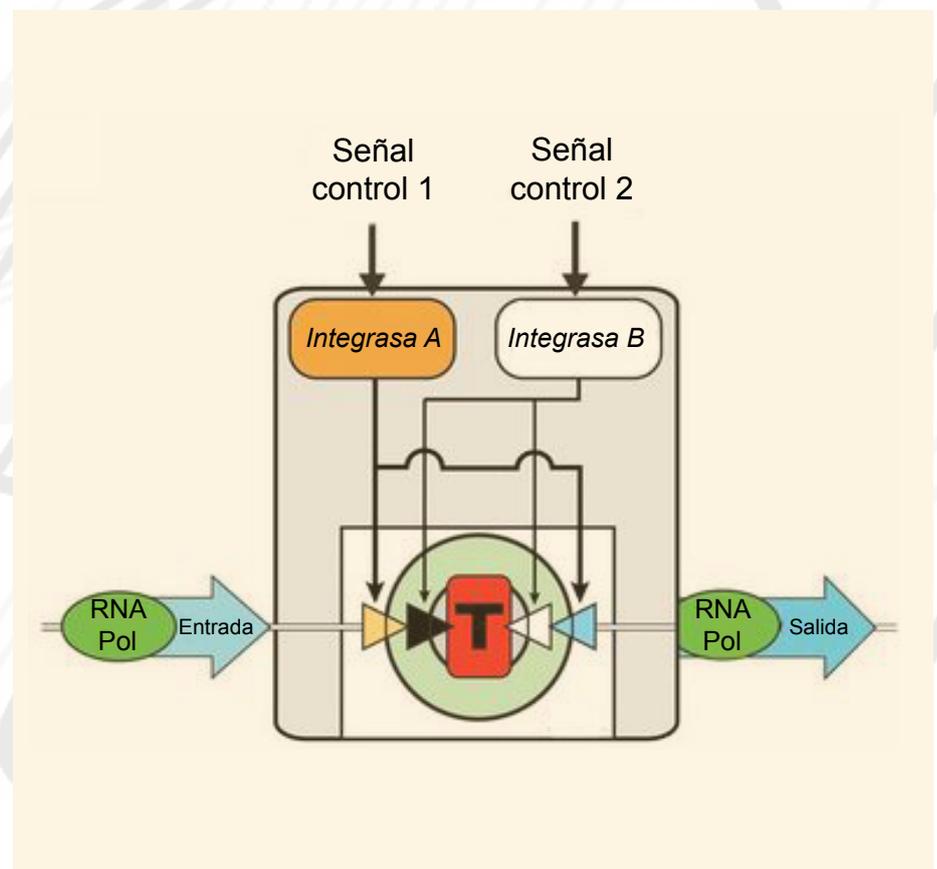
El Transcriptor puede amplificar un cambio muy pequeño en la producción de una enzima para producir grandes cambios en la producción de otras proteínas. La amplificación permite que las señales se transmitan a través de grandes distancias, por ejemplo entre un grupo de células.

### ¿Qué aplicaciones pueden surgir?

Se sabe que las velocidades alcanzadas por el ordenador biológico propuesto serían extremadamente lentas

comparadas con las de un ordenador electrónico. Lo que en un circuito puede desencadenarse en microsegundos puede tardar horas en el mundo del ADN, las proteínas, las enzimas y sus reacciones.

“El objetivo no es sustituir a los ordenadores, sino abrir aplicaciones biológicas a las que la computación convencional simplemente no puede hacer frente”, asegura Timothy Lu, Director del Grupo de Biología Sintética en el Instituto Tecnológico de Massachusetts (MIT). Con esta visión, muy pronto se desarrollarán sensores que puedan ser introducidos en las células y ser capaces de llevar a cabo



tareas como avisar al organismo de la presencia de agentes tóxicos, determinar la actividad cancerosa o precisar cómo un fármaco interactúa individualmente con cada célula.

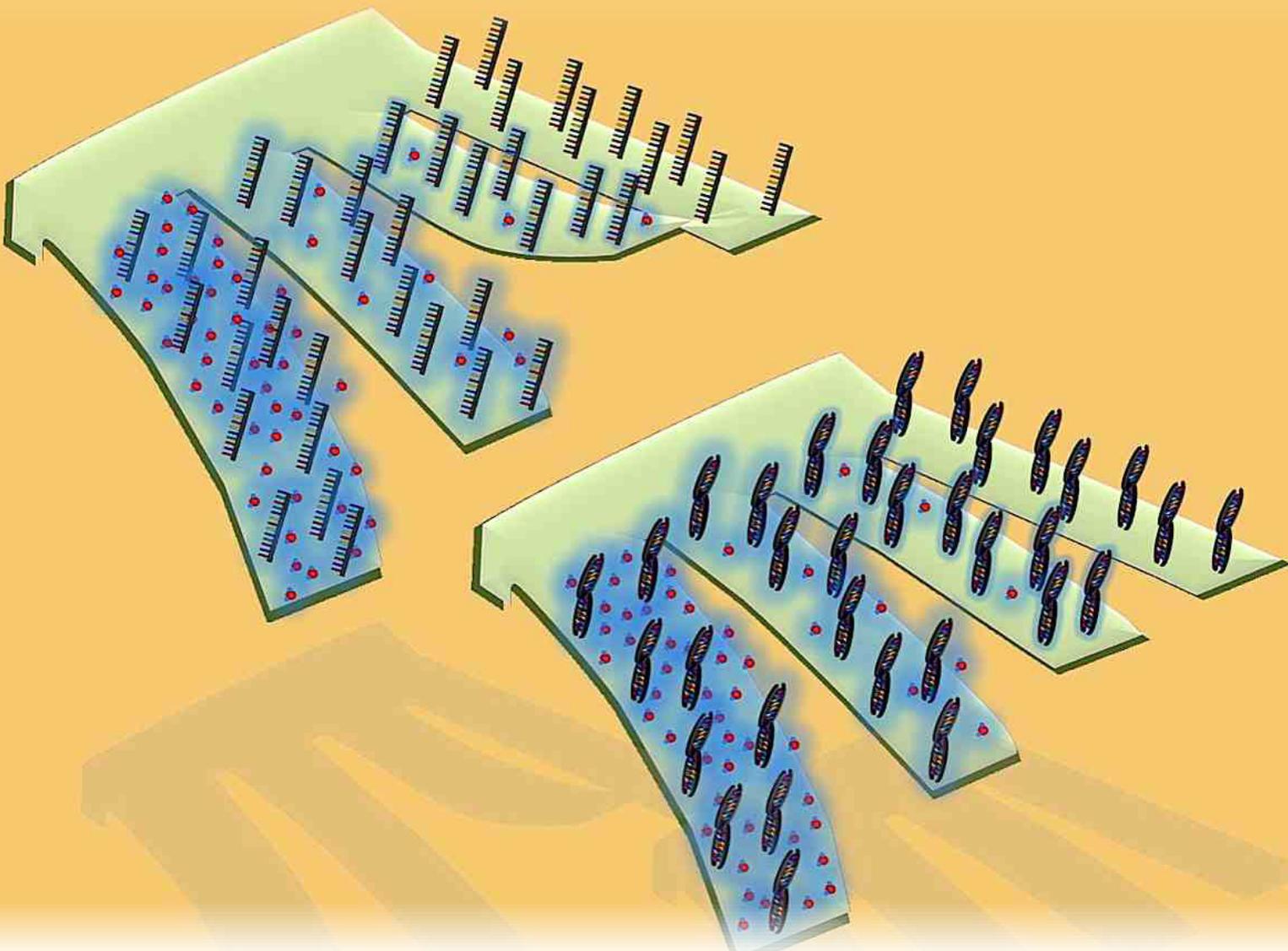
Aún es necesario construir agrupaciones del Transcriptor que le permitan ser el equivalente biológico de las compuertas lógicas y desarrollar sistemas para el almacenamiento y transferencia de datos.

Según los investigadores, se está trabajando en superar estos obstáculos y se han propuesto estrategias (como el empleo del virus M13) para transmitir cadenas de ADN entre las células, por lo que afirman que no existirán muchas barreras para la construcción de un biocomputador.

Los investigadores han hecho sus puertas lógicas biológicas disponibles para el público para animar a la gente a usar y

mejorarlas.

La investigación fue financiada por la Fundación Nacional de Ciencias y la Fundación Townshend Lamarre. Información sobre el Departamento de Bioingeniería de la Universidad de Stanford, que también apoyó el trabajo, está disponible en el sitio <http://bioengineering.stanford.edu>. El departamento es operado conjuntamente por la Facultad de Ingeniería y la Facultad de Medicina.



A partir de mi regreso a México y a la UPIBI he motivado con mucho entusiasmo a varios de mis compañeros para que participen y que no se pierdan la oportunidad de experimentar la opción de movilidad por una de las mejores razones que me pudieron dar antes de tomar la decisión: ¡la enriquecedora experiencia académica adquirida!, la cual, además de aportar conocimientos al currículum, un acontecimiento que aporta mucho en tu vida.

Mi elección fue la Universidad de Silesian en Polonia ya que brindan clases en inglés y también quería conocer Europa. Después de un largo proceso, al fin, el Politécnico me dio la oportunidad de estar cinco meses en época de invierno en Gliwice, una ciudad muy bonita y tranquila al norte de Polonia.

Estando allá aprendí lo básico del idioma polaco, conocí por primera vez la nieve y también a gente muy extraordinaria de lugares que nunca me imaginé que iba a conocer como: Turquía, Kazajstán, Corea del Sur y Bulgaria, entre otros. Pensaba que por el hecho de vivir muy lejos de México y en otro continente las personas serían muy diferentes, pero en realidad encontré compañeros muy parecidos a mí, que si bien, tienen diferente idioma, cultura,

religión, platillos y forma de bailar, al final las expresiones y los sentimientos son los mismos.

En la Universidad, la forma de estudiar y las clases no son muy diferentes a las que existen en México, pero sí fue todo un reto adaptarme a la forma de evaluación, no solo por el inglés sino por la manera en que se trabaja en equipo ya que los polacos son muy perfeccionistas. El reto fue nivelarme a su ritmo de trabajo.

Simplemente es una experiencia extraordinaria que te hace crecer y desarrollarte tanto a nivel personal como académico ya que además refuerzas y adquieres responsabilidades sobre tu propia salud, seguridad, vida y aprendes a valorar todo lo que tienes. Lo mejor de todo es que compartes y conoces a los que serán tus amigos para toda la vida.

De mi parte me gustaría que todos los que tengan interés tomen esta opción y soliciten movilidad, no importando en qué escuela o qué país elijan, al fin de cuentas en cualquier lugar siempre habrá un gran aprendizaje.

Por: Mariam Lizeth Ruíz Sánchez



Desde pequeño empecé a estudiar inglés, en la preparatoria tuve la oportunidad de comenzar a aprender francés, el cual continúe al ingresar a UPIBI; siempre me gustó la idea de poder comunicarme en un idioma diferente.

Se me presentó la convocatoria de movilidad internacional para estudiantes del IPN y al ver que contaba con todos los requisitos me animé a solicitarla, a pesar del trámite exhaustivo que eso representaría, siempre fui optimista con los resultados y la idea y emoción de estudiar nuestra carrera, Biotecnología, en un idioma extranjero, se apoderaba cada vez más de mí.

Y de repente, después de una serie de procesos y trámites, vi cumplido mi sueño: me encontraba en el centro de Europa, en Bélgica, para ser preciso en una pequeña ciudad universitaria llamada Louvain-la-neuve, la cual solo puedo describir como única y loca.

Al inicio todo era desconocido, me encontraba totalmente solo en una tierra virgen para mí, pero siempre mantuve encendido mi espíritu aventurero, el deseo de conocer y aprender todo y de todos los que se presentaran en mi camino.

En un abrir y cerrar de ojos me vi rodeado de muchas personas, que como yo, tenían voluntad y deseos de conocer y aprender de cada persona. El utilizar una mezcla rara entre español, inglés y francés para comunicarse, no importaba, lo bueno o malo que se fuera en el idioma siempre había pláticas extensas.

Recuerdo que al principio decía que era muy complicado hacer una verdadera amistad con personas que no hablaran nuestro mismo idioma. Me equivoqué.

Ahora puedo decir que lo más importante que me dejó esta experiencia fue conocer a personas que, sin esperarlo, se volvieron tan valiosas para mí, se convirtieron en mis amigos, a pesar de haber hablado

solo un poco de español en toda su vida.

Comprobé que a pesar de tantas diferencias que tenemos: culturales, lingüísticas, culinarias, etc., en el fondo, todos mantenemos una misma esencia, todos contamos con deseos, aspiraciones, metas y alegrías; pero también con miedos, frustraciones, tristezas y enojos.

Alemanes, italianos, franceses, finlandeses, belgas, españoles, checos, argentinos, chilenos, portugueses, catalanes, etc., ahora puedo decir que a través de ellos pude ver y conocer un poco más del mundo y que, con sus conversaciones y momentos que vivimos juntos, me ayudaron a ampliar mi manera de pensar y ver las cosas, me ayudaron a crecer como persona.

El hecho de tomar clases de nuestra carrera en francés y ver que podía mantenerme al mismo ritmo de trabajo y estudio que los estudiantes francófonos, me hizo darme cuenta de la gran capacidad que como estudiantes politécnicos tenemos, que a pesar de las deficiencias con las que podría contar nuestra escuela, como ausencia de materiales o reactivos en el laboratorio, o falta de mantenimiento en equipos de la planta piloto, y que al compararlo con la infraestructura en universidades europeas se convertían en más evidentes, tenemos la preparación necesaria para cumplir cualquier reto que se nos presente.

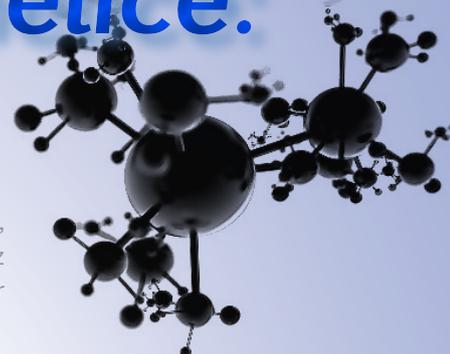
A pesar de lo que se podría decir que perdí aquí en mi ausencia, recibí a cambio un gran tesoro que no cambiaría jamás por nada, una experiencia única e incomparable, solo me queda decir para terminar: Louvain-la-neuve: jamais je ne t'oublierai !

Por: Pablo Eduardo Santiago Flores



# Desentrañando la hélice: Watson, Crick y Franklin.

Por: Alejandro Galindo García,  
Erick N. Sánchez Sánchez  
y Susan Karen Pérez Salazar



## James Dewey Watson.

Nació el 6 de abril de 1928 en la ciudad de Chicago, Estados Unidos. Se recibió como licenciado en Zoología en 1947. Durante estos años despertó su deseo por aprender genética, por lo que ingresó a la universidad de Indiana en Bloomington, donde realizó su tesis sobre el estudio del efecto de los rayos X en la multiplicación de los virus que infectan a las bacterias (llamados bacteriófagos), bajo la supervisión de los genetistas Her-

mann Joseph Muller, Tracy Morton Sonneborn y Salvador Luria.

En 1951, Watson observó por primera vez el patrón de difracción de rayos X del ADN cristalino, en una conferencia que presentó Maurice Wilkins, un físico neozelandés. Esto le motivó en gran medida a cambiar la dirección de sus investigaciones hacia la química estructural de los ácidos nucleicos y proteínas. Fue entonces que fue aceptado para trabajar en el Laboratorio de Cavendish de la universidad de Cambridge, en Inglaterra. Ahí conoció por primera vez a su futuro colaborador Francis Crick, que en ese entonces tenía treinta y cinco años.

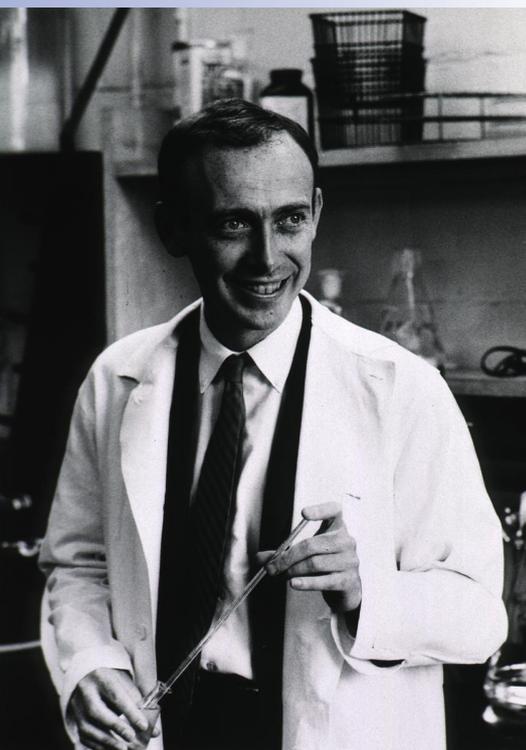
Watson y Crick estaban destinados a investigar la estructura del ADN; sin embargo, sus superiores los desanimaron ya que ese trabajo se realizaba en el King's College, donde se realizaban investigaciones entre Wilkins y una química británica de treinta años llamada Rosalind Franklin.

La cristalografía era una tecnolo-

gía basada en la difracción de los rayos X, esencial para la investigación de la estructura de moléculas grandes, era una tecnología que ni Watson ni Crick conocían, por lo que hicieron su mejor esfuerzo con la única herramienta a su alcance, la construcción de modelos.

El libro "La naturaleza del enlace químico" de Pauling, se convirtió en la base para los estudios de Watson en su arrojo por construir un modelo plausible. Sin embargo tanto el mismo director del Cavendish como el director de cristalografía, insistieron en que los estudios del Consejo de Investigaciones Médicas no debía correr el riesgo de repetir la investigación del King's College.

La exploración de Watson y Crick no era para determinar la composición química de la molécula del ADN. En ese entonces ya se sabía que estaba compuesta de cuatro bases nitrogenadas unidas por una estructura de fosfato-azúcar, lo que nadie sabía era la forma de la estructura ni la forma en la que se unían las parejas de las bases.



El descubrimiento llegó poco después, cuando Watson y Crick asistieron a un seminario en donde parecieron malinterpretar la información que Franklin hacía sobre su investigación. Construyeron un modelo e invitaron a la pareja de científicos (Wilkins y Franklin) para que pudieran observarlo, pero Franklin declinó todas sus ideas.

No pasó mucho tiempo, cuando con la ayuda de Wilkins Watson consiguió ver una de las cristalografías de rayos X de Rosalind, misma que en cuanto la vio, supo cómo interpretarla.

Finalmente Watson y Crick lograron conseguir el permiso para utilizar los servicios del taller del laboratorio para construir el modelo de una molécula a gran escala. Tras varias semanas donde realizaron diversos ensayos, el modelo pudo ser visto por primera vez. La molécula del ADN había sido descubierta, tenía la forma de una doble hélice, una larga y tortuosa escalera en la que los peldaños eran las secuencias de las pares de bases.

El 7 de marzo de 1953 se la mostraron a sus colegas, pero fue hasta el 25 de abril que el mundo pudo vislumbrar aquel gran descubrimiento. En una corta y sencilla publicación de la revista "Nature" titulado: "La estructura molecular de los ácidos nucleicos" quedó

asentado aquel maravillo hallazgo.

Posteriormente, Watson trabajó en el Instituto Tecnológico de California, en Pasadena, y en la Universidad de Harvard, donde impartió clases de bioquímica y de biología molecular. Finalmente ayudó a descifrar el código genético contenido en las secuencias del ADN y descubrió que el ARN mensajero era el encargado de transferir el código genético del ADN a las estructuras celulares formadoras de proteínas, mediante un proceso llamado traducción.

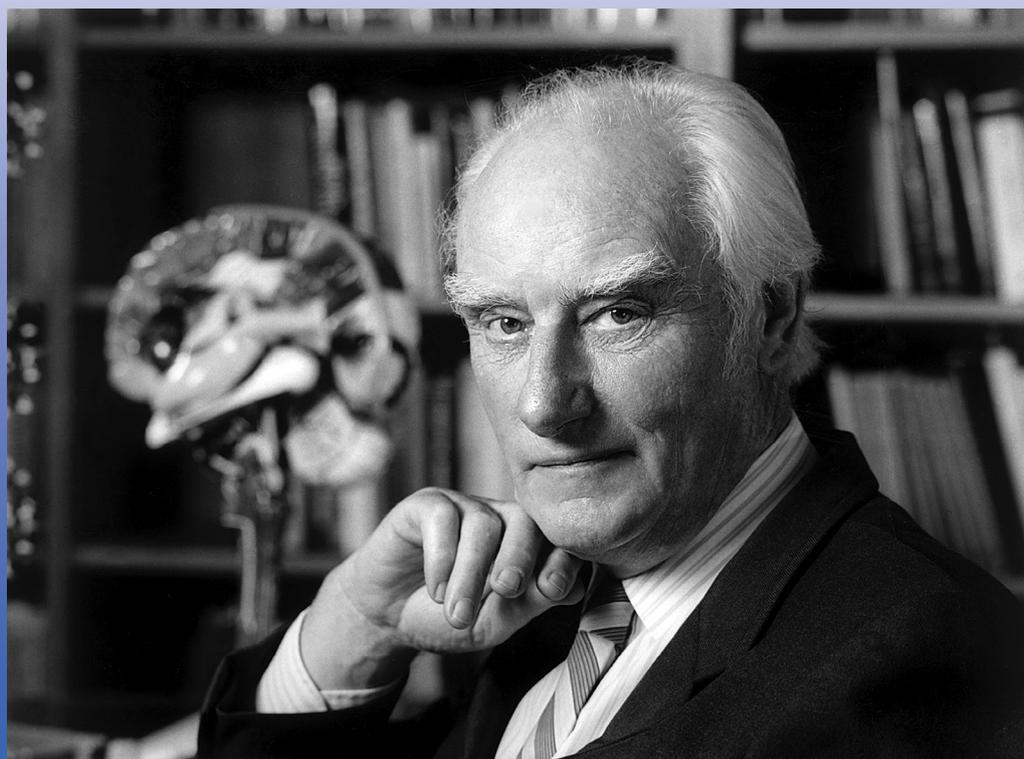
En 1968 dirigió el Laboratorio de Biología Cuantitativa de Cold Spring Harbor de Nueva York. Desde 1988 hasta 1992 dirigió el Proyecto Genoma Humano, en el que se ha cartografiado la secuencia completa del ADN humano,

pero Watson lo abandonó por ser contrario a los intereses económicos de intentar patentar los genes, que él considera patrimonio de la humanidad.

Entre sus obras destacan "Molecular Biology of Gene" (1965) y "The Double Helix" (1968). Cuenta en su haber con varios premios y honores de distintas universidades e instituciones y es miembro honorario de muchas asociaciones, sociedades y academias científicas, como la Academia de las Artes y las Ciencias americana y la Academia Nacional de Ciencias.

### Francis Harry Compton Crick (1916 – 2004)

Francis Harry Compton Crick nació el 8 de junio de 1916, en Nor-



thampton, Inglaterra, siendo el hijo mayor de Harry Crick y Annie Elizabeth Wilkins. Crick fue educado en la pequeña escuela privada "Mill Hill" en Londres. Estudió física en University College, en Londres, donde obtuvo una licenciatura en 1937 con resultados mediocres y con problemas de comportamiento, en 1939 comenzó la investigación para un doctorado, pero fue interrumpido por el estallido de la guerra.

Durante la guerra, trabajó como científico en el Almirantazgo británico, principalmente en relación con las minas magnéticas y acústicas. Salió del Almirantazgo en 1947 para estudiar biología.

Con el apoyo de una beca del Consejo de Investigación Médica y con la ayuda financiera de su familia, Crick fue a Cambridge y trabajó en el Laboratorio de Investigación Strangeways. En 1949 se incorporó a la Unidad de Consejo de Investigación Médica encabezada por M. F. Perutz. En 1962 se trasladó a un nuevo edificio grande, el Laboratorio del Consejo de Investigación Médica de Biología Molecular, situado en un nuevo hospital.

Se convirtió en un estudiante de investigación, por segunda vez en 1950, siendo aceptado como miembro del Caius College, Cambridge, y obtuvo un doctorado en

1954 con una tesis titulada «difracción de rayos X: polipéptidos y proteínas». Durante el año académico 1953-1954 Crick estaba en el Proyecto de Estructura de Proteínas del Politécnico de Brooklyn en Brooklyn, Nueva York.

Hasta 1947 Crick no había conocido la biología y prácticamente ninguna química orgánica o la cristalografía, por lo que gran parte de los próximos años se gastaron en el aprendizaje de los elementos de estos temas. Durante este período, junto con W. Cochran y V. Vand llevó a cabo la teoría general de la difracción de rayos X por una hélice, y al mismo tiempo como L. Pauling y R. B. Corey, sugirió que el patrón alfa-queratina es debido a alfa-hélices enroscados alrededor una de otra.

Una influencia importante en la carrera de Crick era su amistad, a partir de 1951, con J. D. Watson, entonces un joven de 23 años, en 1953 hicieron la propuesta de la estructura de doble hélice del ADN y el esquema de replicación. Crick y Watson posteriormente sugirieron una teoría general de la estructura de pequeños virus.

Crick en colaboración con A. Rich propuso estructuras de poliglicina II y colágeno y (con A. Rich, D. R. Davies y J. D. Watson) una estructura para el ácido poliadenílico.

En los últimos años Crick, en colaboración con S. Brenner, se ha concentrado más en bioquímica y genética que conduce a ideas acerca de la síntesis de proteínas, el código genético, y en particular para trabajar en mutantes de tipo acridina.

Crick se hizo un F.R.S. en el año 1959. Fue galardonado con el Premio Charles Leopold Meyer de la Academia Francesa de Ciencias en 1961, y el Premio al Mérito de la Fundación Gairdner en 1962. Junto con J. D. Watson, recibió un premio Research Corporation en 1962. Con J. D. Watson y M. H. F. Wilkins fue presentado con el Premio Fundación Lasker en 1960. En 1962 fue elegido miembro honorario extranjero de la Academia Americana de las Artes y las Ciencias, y miembro del University College de Londres.

### Rosalind Elsie Franklin.

Conocer la vida de una investigadora británica que nos dio la clave para desarrollar el modelo estructural del ADN llamado "la doble hélice" tendría que ser cultura general.

Se graduó en Cambridge como Dra. en Química física y utilizó sus conocimientos sobre las técnicas de difracción de rayos-X en el "La-



boratoire de Services Chimiques de l'État" en Paris

Su contribución mediante el análisis fotográfico en la llamada: "Cristalografía por difracción de rayos-X" abarca desde las estructuras del grafito, los virus y el más mencionado: el ADN. A Rosalind se le conoce principalmente por la



"Fotografía 51", imagen del ADN obtenida por dicha técnica y la cual sirvió como fundamento para la hipótesis de la estructura doble helicoidal.

La técnica de difracción de rayos X puede crear imágenes de pequeñas estructuras como moléculas, porque la longitud de onda de la radiación X es tan pequeña como la separación entre átomos produciéndose reflexiones en los mismos. Los rayos X pasan a través del ADN y se reflejan a su paso, se dispersan o se difractan en diferentes direcciones y patrones, cuando los rayos X salen del conjunto llevan un modelo del mismo que se imprime en una película fotográfica.

Franklin dirigió los rayos a una fibra suspendida verticalmente de un espesor de un cabello, que contiene millones de filamentos de la forma B del Timo de un becerro.

En aquellos años se jugaba la carrera para el descubrimiento es-

tructural del ADN y no fue hasta que Maurice Wilkins les mostró indiscretamente a James Watson y a Francis Crick la fotografía 51 y los resultados del informe de Rosalind que propusieron su modelo.

Franklin obtuvo datos que permitieron definir que el ADN tiene estructura de doble hélice, sin embargo, no fue reconocida con el premio Nobel. Falleció el 16 de abril de 1959 debido a emisiones de rayos X que le trajeron como consecuencia cáncer ovárico, cuatro años antes de que la Academia Sueca reconociera la importancia del descubrimiento.

#### Referencias:

- Aydon Cyril. 2008. Scientific Curiosity: Everything you want to know about Science. UK. First Published.

- Nobelprize.org : *The official web site of the nobel prize.* (s.f.). Recuperado el 20 de Abril de 2013, de Official web site of the Nobel Prize: [http://www.nobelprize.org/nobel\\_organizations/nobelmedia/nobelprize\\_org/](http://www.nobelprize.org/nobel_organizations/nobelmedia/nobelprize_org/)

- Medicine, N. L. (Septiembre de 1998). *Profiles in Science: The Rosalind Franklin Papers.* Recuperado el 15 de Marzo de 2013, de National Library of Medicine: <http://profiles.nlm.nih.gov/ps/retrieve/Narrative/KR/p-nid/287>

*"La ciencia y la vida ni pueden ni deben estar separadas. Para mí la ciencia da una explicación parcial de la vida. Tal como es, se basa en los hechos, la experiencia y los experimentos... Estoy de acuerdo en que la fe es fundamental para tener éxito en la vida, pero no acepto tu definición de fe, la creencia de que hay vida tras la muerte. En mi opinión, lo único que necesita la fe es el convencimiento de que esforzándonos en hacer lo mejor que podemos nos acercarnos al éxito, y que el éxito de nuestros propósitos, la mejora de la humanidad de hoy y del futuro, merece la pena conseguirse".*

*(Fragmento de la carta que Rosalind escribió a su padre en 1940 a la edad de 20 años.)*

# Números

Por: Luis Yair Martínez Córdoba

**[Cuando no puedes expresarlo con números, tu conocimiento se vuelve pobre e insatisfactorio.]**

**Lord Kelvin**

Las matemáticas tienen la incertidumbre con respecto a si se descubrieron o se inventaron. Podemos decir que las inventamos de lo que los sentidos aparentemente nos mostraban, generando los números racionales, aunque al hacer modelos matemáticos para tales descripciones descubrimos los números irracionales.

Lo que es un hecho es que desde un origen muy primitivo el hombre utilizaba los números. Aún se debate si los primeros números en emplearse fueron los cardinales (uno, dos, tres...) o los ordinarios (primero, segundo, tercero...). Los que apoyan la primera teoría nos dicen que los números cardinales cubrían las necesidades basales de la humanidad, tales como la cantidad de animales que se necesitaban para suplir el alimento; pero la antítesis nos dice que de esto se encargaba simplemente

el instinto y amparados en trabajos de antropólogos, afirman que la primera aparición de los números fueron en rituales en las que se requería la aparición de los individuos en un orden específico.

Omitiendo todas estas especulaciones, resulta de mucho análisis el pensar cómo fue posible que se diera el gran salto de entender los números como manifestaciones abstractas. Es decir, imaginen cómo fue que nuestros antecesores encontraron la relación que existe entre dos perros, dos piernas y los dos eventos astronómicos conocidos como noche y día. Esto seguramente empezó mediante el agrupamiento de los entes que los rodeaban y sus relaciones sociales, entendiéndose como parte de una sociedad, como individuos y en sí, formando conjuntos.

Posterior a ello, para el análisis del

número dos debió haber existido un proceso más complejo para entender las manifestaciones como los contrastes y las correspondencias, existiendo muchos vestigios de que esto fue así apoyado en muchas lenguas, algunas ya muertas. Por ejemplo, en las comunidades Taudade de nueva Guinea, se utilizan palabras diferentes para hablar de pares masculinos, pares femeninos y pares mixtos. Inclusive, tal era la ignorancia en la comprensión de los números de forma abstracta que en muchos idiomas, un ente unitario y un grupo de ellos poseían palabras sin relación, como en una tribu de las Islas Fiji donde a un grupo de diez cocos y diez barcas se les conoce como “koro” y “bolo” respectivamente, sin tener una palabra o regla gramatical que describa la cantidad, sino simplemente poseen un nombre.

El número tres tuvo una comprensión abstracta que simbolizaba antiguamente la idea de muchos, teniendo como marco de referencia la lengua sumeria utilizada hace cinco mil años, de donde este número conocido como “és” fue base en la creación del sufijo “s”. Incluso en varios dialectos y lenguajes ancestrales solo tenían nombre los primeros dos números, por ejemplo “urapun” para el uno, “okosa” para el dos, “okosa-urapun” para el tres y “okosa-okosa” para el cuatro; todos ellos en los dialectos de nativos en unas islas cerca de Papúa Nueva Guinea, teniendo por cierto la palabra “ras” como sinónimo de

muchos, cifra usada en cantidades de conjuntos superiores a cuatro. Esta idea del tres como combinación de la unidad con la dualidad, del cuatro como dos conjuntos de dos y del cinco como muchos es repetida en muchísimas comunidades y tribus extintas en todas partes del mundo.

Lo que resulta muy curioso para el análisis es que a pesar de no tener palabras para el tres y el cuatro, todo parece indicar que empezábamos a entender la abstracción de estos aunque como meras manifestaciones del todo y su manifestación en dualidad. Pero la cuestión fuerte es el poner en duda, como siempre se debe hacer para llegar al conocimiento, el ¿por qué hasta esos números? Algunos apuntan como causa el hecho de que contamos con 4 dedos del mismo tamaño y era lo que utilizábamos para contar, pero una teoría menos conservadora está ligada con nuestra habilidad perceptiva, la cual ronda en una capacidad de contar de un solo vistazo entre 4 y 5 objetos, motivo que especulativamente generó que en los pubs ingleses se contabiliza desde hace ya bastante tiempo, el tan conocido sistema de cuenta de 4 líneas verticales y una línea diagonal que las

atraviase para contabilizar el cinco.

Un hecho importante es que en las lenguas indioeuropeas y algunas pocas que no lo son, los nombres de las fracciones o porciones se derivan del número de partes, como tercio (dividir en tres), décimo (dividir en diez), pero la división entre el número 2 tiene un nombre que no depende de éste, el cual es medio o mitad. Probablemente en tiempos de antaño fue durante mucho tiempo la única abstracción de fracciones que se conocía.

Una vez que asimilamos esas cantidades de forma abstracta con el pasar de los años, no se tardó mucho en que por medio del estudio de la naturaleza se les empezaran a atribuir propiedades especiales. Algunos textos indios informan en manuscritos que los números son divinos y no tardaron en llegar a Grecia estas ideas, viéndose reflejadas en Pitágoras con su sentencia: "Todo está dispuesto en función del número". Todo esto generó dos vertientes muy marcadas: desarrollos en la teoría del número y el desarrollo de la numerología, la cual dice que todos los aspectos del universo están asociados con los números y sus idiosincrasias.

Cuando la humanidad empezó a filosofar sobre su vida, el sol era el símbolo máximo de la divinidad, por lo que al empezar a observar estos fenómenos y poderlos describir mediante el uso de las matemáticas, se cayó en la cuenta de que poseíamos dos grandes faros celestes (sol y luna). Aunado a esto se dividió el tiempo en tres: presente, pasado y futuro; y debido a que el eje de rotación de la tierra es más o menos la misma dirección, tenemos cuatro estaciones del año. Aquí es donde empezó el debate de si los números fueron, por lo tanto, descubiertos por el hombre para explicarse lo que le rodeaba (desde sus necesidades basales hasta su idea de la divinidad), o si fueron inventados como un proceso evolutivo y de desarrollo del pensamiento.

En 1930, Tobías Dantzig en su libro: "Números, el lenguaje de la ciencia", nos describe un experimento en el que demuestra el conocimiento de un ave para reconocer y distinguir entre cuatro objetos. "Un hombre quería dispararle a un cuervo que tenía un nido en la torre de reloj de su finca. Al acercarse, el cuervo abandonaba su nido y volaba a un gran árbol donde esperaba a que el hombre se



fuera para regresar al nido. Un día, se le ocurrió entrar al hombre con un amigo suyo, saliendo solamente uno de ellos para confundir al cuervo, el cual no cayó en la trampa y esperó en el árbol hasta que los dos hombres dejaron la torre. Se repitió con tres y cuatro hombres, con diferentes secuencias de entrada y salida, hasta que con cinco hombres el cuervo perdió la cuenta y, entrando cinco y saliendo cuatro, el cuervo entró a la torre”. La importancia de este experimento es que el animal no solo tiene la capacidad cognitiva de distinguir hasta cinco entidades, sino que pudo realizar abstracciones y adiciones. Esto refuerza la teoría de que los números fueron pues, descubiertos tal como defendía Einstein al cuestionar: ¿Cómo es posible que las matemáticas, producto del pensamiento humano independiente de la experiencia, encaje tan bien con los objetos de la realidad física?

Esta visión de descubrimiento lleva por nombre “visión platónica”, debido a que Platón decía que las matemáticas son universales y atemporales, cuya existencia es independiente del hombre. La llamada visión platónica modificada (teoría más reciente) nos dice que las leyes de la naturaleza se expresan como ecuaciones matemáticas, el universo tiene estructura fractal, las galaxias siguen patrones en espirales áureas, etcétera; por lo que las matemáticas son el lenguaje del universo. Kepler dice: “Dios creó las matemáticas y se

las pasó al hombre y no las hizo evidentes a los ojos”. Un matemático de IBM, Pickover, dice: “No sé si Dios es matemático, pero las matemáticas son el telar donde éste hila al Universo.

Naturalmente, existe la visión contraria que indica que las matemáticas no suceden fuera del cerebro humano, indicando que otra civilización inteligente puede desarrollar modelos matemáticos completamente diferentes. Filósofos como Immanuel Kant lo nombra la libertad de las matemáticas, donde incluso el hombre tiene el poder de postular e inventar modelos y estructuras matemática y adaptarlas a lo que observa. Casi todos los psicólogos modernos defienden esta postura. Científicos como los psicólogos Lakoff y Núñez realizaron estudios psicológicos y neurológicos sobre la funcionalidad del cerebro y concluyen que las matemáticas tienen rostro humano.

Estos experimentos muestran que los bebés poseen mecanismos innatos para reconocer números en pequeños grupos y que los niños adquieren capacidades aritméticas simples espontáneamente, siendo estimulada la corteza parietal del cerebro y que en conjunto con las conexiones neuronales del tacto, vista y oído, concluyen que por naturaleza el uso de las matemáticas es un proceso evolutivo que desarrolla nuestro cerebro, a fin de adaptarnos al ambiente mediante la utilización de las matemáticas. ¿Por qué las matemáticas encajan con los

fenómenos de la naturaleza? Por la intervención humana de acuerdo con dichos psicólogos y científicos modernos, ya que el modelo del Universo ha sufrido una evolución, cambio de falsos principios y de sentido. Es un tipo de selección natural donde la idea más apegada a la realidad es la que sobrevive. Por ejemplo, en el modelo de Kepler era aceptable solo si predecía y explicaba el comportamiento de los planetas.

Al final, yo creo que ni la visión platónica moderna ni la visión de selección natural tienen una respuesta absoluta. Concluyo con una publicación del mejor matemático actual desde mi humilde opinión: Stephen Wolfram. Él desarrolló un programa de nombre Mathematica, que resuelve cálculos que eran imposibles de hacer hasta que los programó. Menciona que puede y reemplazará en un futuro la infraestructura de las matemáticas, poniendo como base para los modelos de la naturaleza sencillos programas informáticos, en lugar de las ecuaciones matemáticas que han dominado la ciencia, mencionando que el secreto de la naturaleza es la programación de datos sencillos que generarán complejidad.

### Texto recomendado:

Livio, M. (2006). La proporción áurea: La historia de Phi, el número más sorprendente del mundo. Barcelona, España: Ariel.

# Protocolo de figura latente

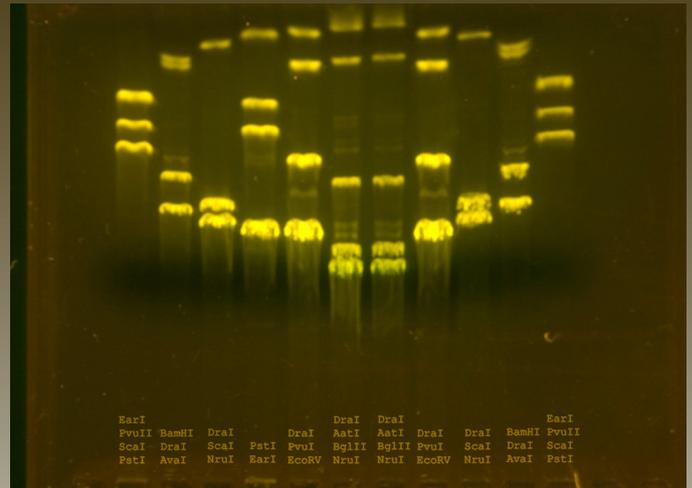
Por: Alexis Cruz Herrera

El Protocolo de Figura Latente (PFL) toma forma mediante una instalación audiovisual que usa muestras de ADN para crear representaciones de imágenes prediseñadas. La instalación incluye un experimento científico en vivo, resultando en una videograbación que muestra el proceso de formación.

Las técnicas utilizadas en el PFL, se fundamentan en la restricción de la digestión de muestras de ADN y la electroforesis en gel. El proceso de formación de imágenes PFL se basa en saber qué tamaño de ADN se requiere para cada banda y así moverse a la velocidad adecuada para que la imagen se forme correctamente. Esto es esencialmente realizar biología molecular a la inversa. Ya que generalmente, los científicos utilizan técnicas de imagen para determinar la secuencia genética de un organismo, mientras PFL utiliza secuencias conocidas para producir imágenes “planificadas”.

Para determinar las dimensiones adecuadas de cada banda, se requirieron programas de simulación personalizados. En este caso el simulador PFL primero determina el tamaño ideal de la muestra de ADN para la producción de las bandas en dimensiones adecuadas. Esto es posible debido a que muchos organismos tienen regiones estables de ADN con poca variación.

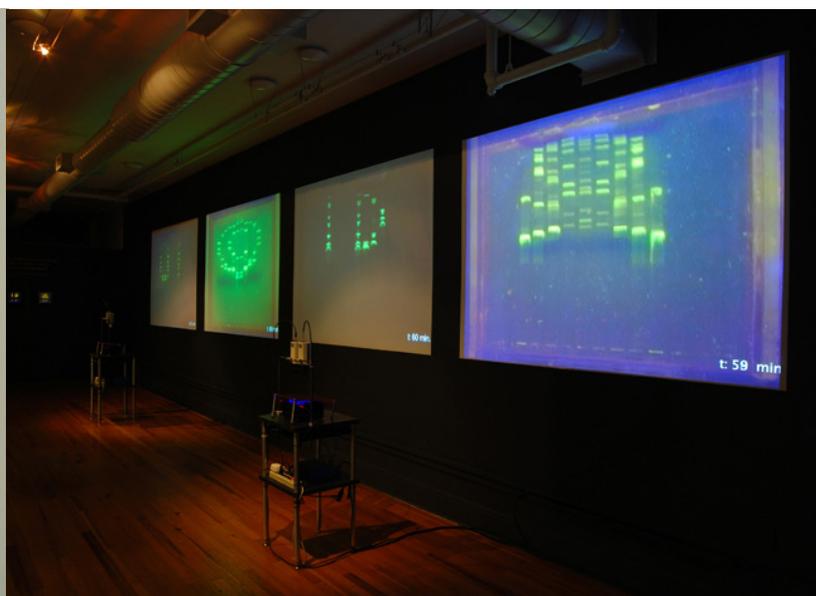
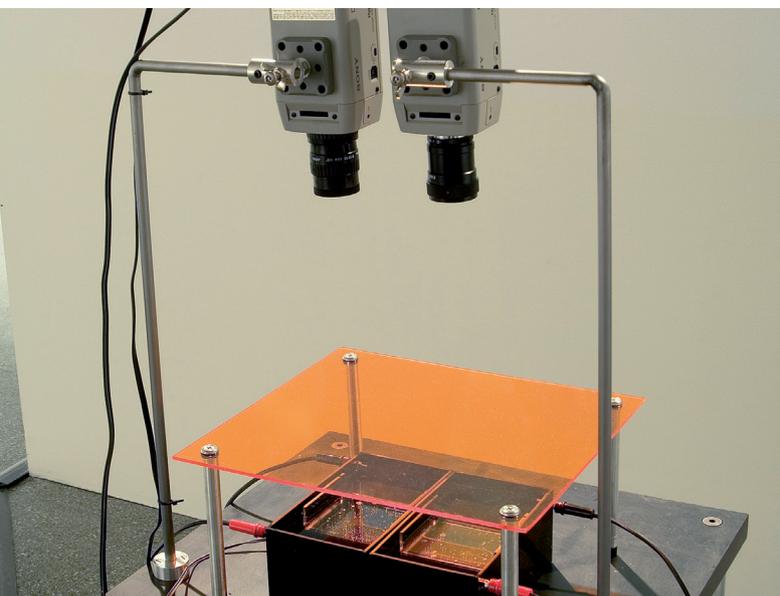
Entonces se catalogan exhaustivamente los puntos de corte sobre



el ADN que serían hechos por cada enzima posible y simula varias de las combinaciones posibles de estas enzimas.

El programa simula miles de combinaciones para cada carril de la imagen y clasifica cada combinación de acuerdo a la desviación de cada banda desde el ideal. Una vez que la mejor combinación es encontrada, el programa da salida a la mejor combinación de enzimas para lograr esto. El proceso de formación de imágenes en la electroforesis en gel se captura directamente de las cámaras de vídeo conectados a la mesa de trabajo de la instalación.

Esto se logra a través de una nueva combinación de LEDs (del inglés Light Emitting Diode o Diodo Emisor de Luz) de color azul, y filtros acrílicos pintados que permiten hacer más visibles los movimientos del ADN y sin protección para la vista. A diferencia de los trabajos de laboratorio, donde el proceso de formación de imágenes se produce sólo al final de la electroforesis y con frecuencia requiere protección contra la luz UV.



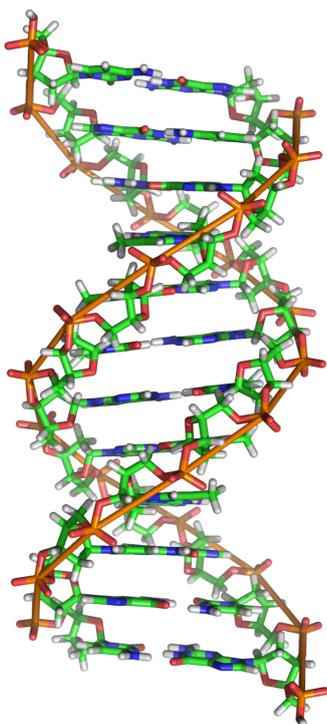
# Estructuras moleculares de los ácidos nucleicos.

## 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.

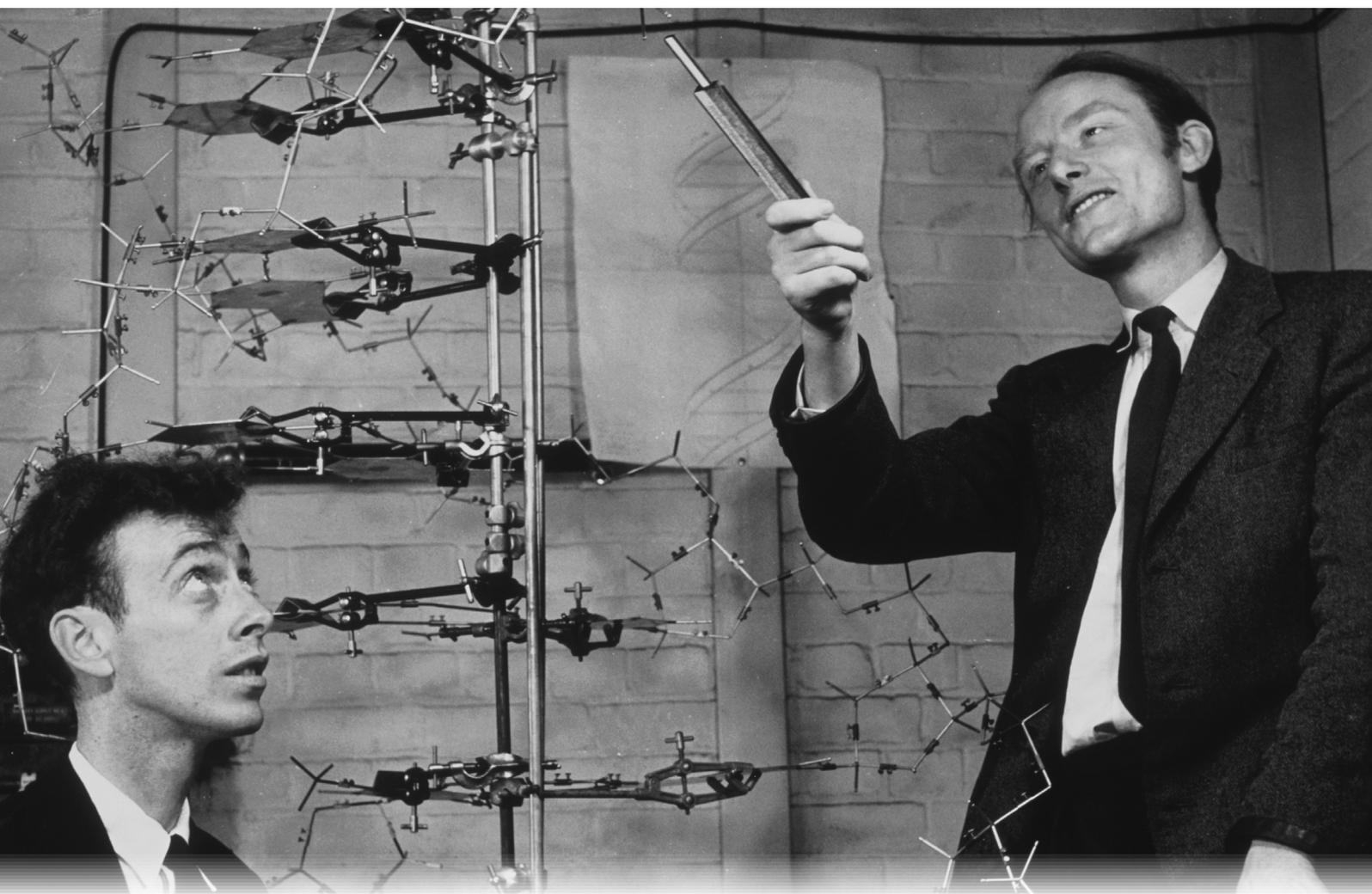
Esta propuesta fue apenas una pe-

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.



# Mayo 2013

El Instituto Politécnico Nacional, la Unidad Profesional Interdisciplinaria de Biotecnología y el Gobierno del Distrito Federal (Delegación Gustavo A. Madero).  
Te invitan a: «La Feria de la Ciencias: Curiosidades científicas»  
El evento está abierto a todo el público y se desarrollarán experimentos, conferencias y talleres.  
El evento será en la explanada de la cabecera municipal ubicada en 5 de Febrero, Esq. Vicente Villada, Delegación Gustavo A. Madero



Exposiciones sobre el desarrollo de experimentos en diferentes materias..

Conferencias sobre estados de la materia, el universo y los reinos de la naturaleza.

Talleres sobre reciclaje de papel y origami entre otros. No es necesario que traigas material.

IFeriaDeCienciasCuriosidadesCientificas  
@FeriaCuriosidad



**SEP**  
SECRETARÍA DE EDUCACIÓN PÚBLICA

Instituto Politécnico Nacional  
La Técnica al Servicio de la Patria

## 2013

**Curso Intersemestral de Idiomas**  
Julio - CENLEX Zacatenco

Dirección de Formación en Lenguas Extranjeras  
Centro de Lenguas Extranjeras  
Unidad Zacatenco

Del 1 al 31 de julio  
Horario: 8:00 a.m. - 5:00 p.m.\*

Costos\*\*  
Alumno IPN \$3,107.00  
Público en general \$3,856.00

**CUPO LIMITADO**

Mayores informes:  
<http://www.saes.cenlexz.ipn.mx>

[www.facebook.com/verano.cenlexzac](http://www.facebook.com/verano.cenlexzac)  
 [www.twitter.com/CENLEXZacVerano](http://www.twitter.com/CENLEXZacVerano)

\* En chino mandarín el horario es de 8:00 a.m. a 1:00 p.m.  
\*\*El pago se puede realizar en dos exhibiciones (2 y 15 de mayo).  
El material a utilizar NO está incluido en el costo del curso.  
Publicación de la convocatoria: 16 de abril.

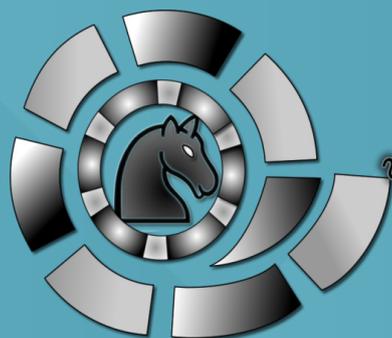
PORTUGUÉS INGLÉS JAPONÉS  
ITALIANO  
ALEMÁN  
FRANCÉS  
CHINO MANDARÍN

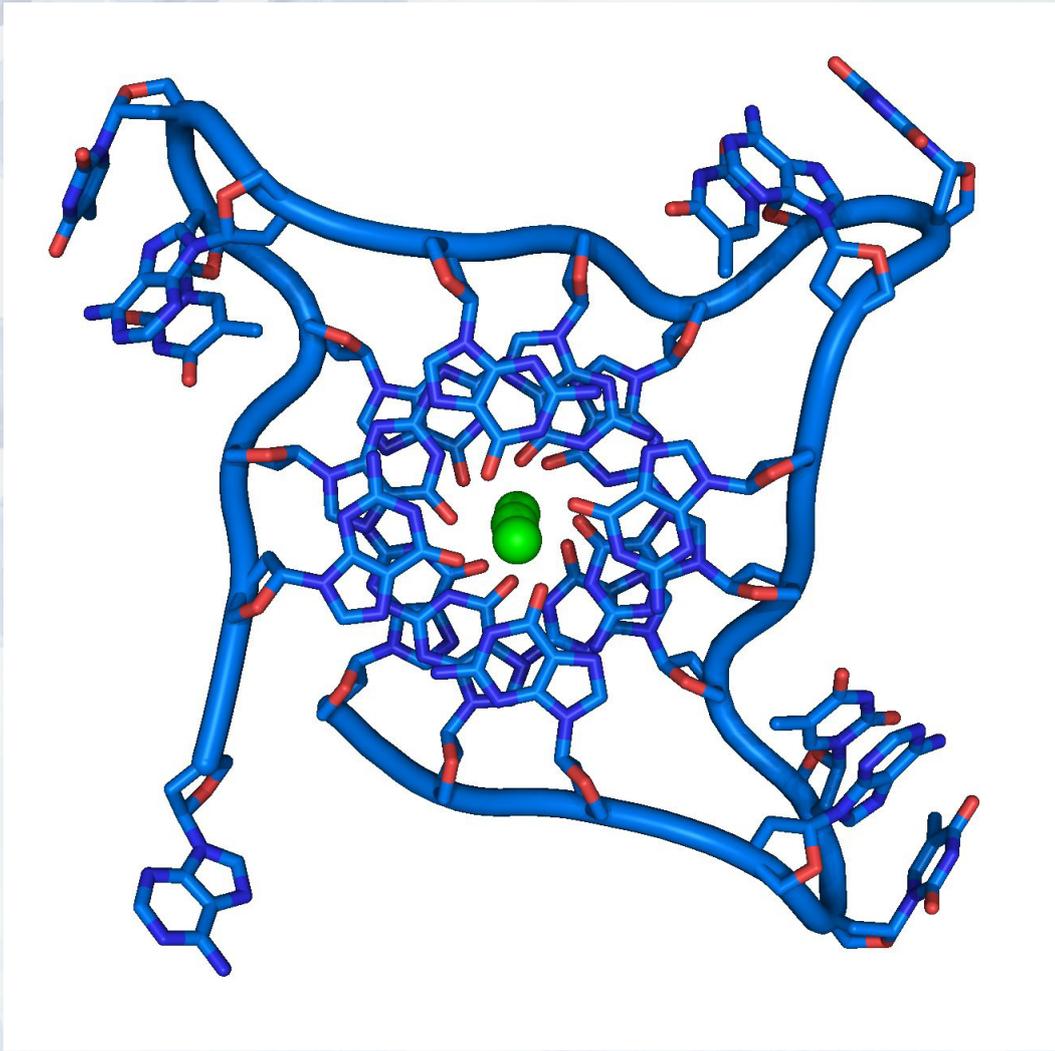
Av. Wilfrido Massieu s/n Col. Lindavista,  
Unidad Profesional Adolfo López Mateos  
Delegación Gustavo A. Madero, México D.F. C.P. 07736.  
Tel. 57296000 Ext. 54747, 54718, 54716, 53648 y 54722.

## TALLER DE AJEDREZ

**Horario:**  
Martes 16:00-19:00 y  
Jueves 10:00-13:00  
En Tutorías

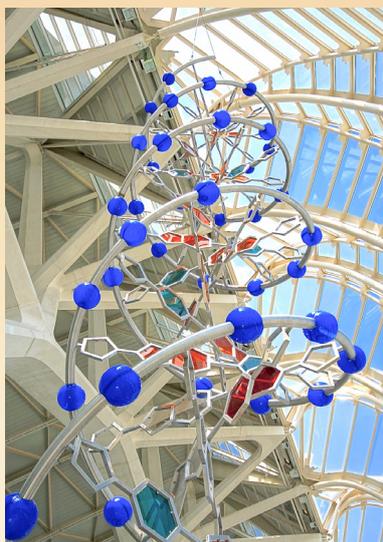
Únete al grupo de Facebook "Chessupibios"  
Informes roslia\_g@hotmail.com





[La cadenas de ADN con cuatro hélices son conocidas como G-cuádruplex. La 'G' se refiere a la guanina, una de las bases químicas del ADN. Los investigadores parecen relacionar la formación de estas cadenas con la guanina, pues en las células donde se encontraron, habían grandes y raras concentraciones de ésta. Ahora se sabe la G-cuádruplex se encuentra en seres humanos. El paso a seguir es analizar las implicaciones en cuanto al desarrollo del cáncer y si su estudio puede aportar al tratamiento de esta enfermedad. ]

*Quantitative visualization of DNA G-quadruplex structures in human cells*, Giulia Biffi, David Tannahill, John McCafferty & Shankar Balasubramanian, *Nature Chemistry* 5, 182–186 (2013)



**Portada:**

*Escultura ADN (DNA sculpture), Museo de las Ciencias Príncipe Felipe, Valencia, España.*

Arquitecto: Santiago Calatrava, 2000.

