

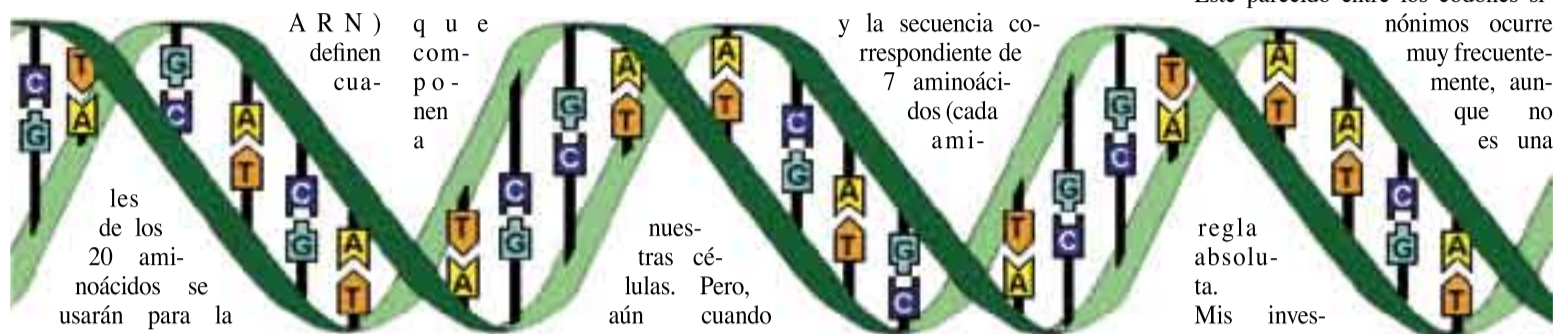
Hacemos saber a nuestros estimados lectores que todos los artículos publicados en esta sección de La Unión de Morelos han sido revisados y aprobados por el comité editorial de la Academia de Ciencias de Morelos, A. C." Atentamente, Dr. Joaquín Sánchez Castillo, Coordinador del Comité Editorial de la ACMor.



Las secuencias de ADN y analogías con los lenguajes

Dr. Joaquín Sánchez Castillo
Miembro de la Academia de Ciencias de Morelos
Facultad de Medicina, UAEM

Como es prácticamente conocido por todos nosotros la información genética (información que llevan nuestros genes) en plantas, animales y humanos está contenida en una molécula cuyo nombre abreviado es ya a todos familiar: el ADN (o DNA en inglés) y cuyas siglas en español derivan de Ácido Desoxirribonucleico (letras relevantes en mayúsculas y en cursiva). El ADN es un polímero (hecho de piezas individuales o monómeros) compuesto de 4 nucleótidos cuyos nombres se abrevian con las letras A (derivado de Adenina), C (Citosina), G (Guanina) y T (Timina). Así, una forma muy condensada de representar una molécula de ADN sería por ejemplo: GACTGGATGCTCCAGGATATA, donde cada letra simboliza un nucleótido. A este tipo de moléculas se les llama también secuencias de ADN, porque las 4 letras aparecen en sucesión, o secuencialmente como ocurre con las letras que forman cada palabra de este texto. Las secuencias de ADN son una especie de texto de instrucciones, ya que del orden de las letras A, C, G, T depende el orden de otros polímeros en nuestras células. Es decir, la secuencia de ADN es interpretada por la célula para la construcción de otros polímeros, los cuales son cruciales para las funciones celulares. En concreto, la secuencia de ADN, a través de una molécula intermediaria relacionada en composición llamada ARN (Ácido Ribonucleico), determina la secuencia de las llamadas proteínas. Los monómeros que forman a las proteínas son llamados aminoácidos, pero los aminoácidos son 5 veces más numerosos que los nucleótidos; es decir, hay 20 aminoácidos diferentes. Las secuencias de ADN (mediante el



les de los 20 aminoácidos se usarán para la proteína y también

cuál será su orden o secuencia. La composición y orden de los aminoácidos en las proteínas es fundamental para sus propias características, de manera que la secuencia de aminoácidos de la proteína Mioglobina, que transporta oxígeno en nuestros músculos, es muy distinta a la secuencia de aminoácidos de la proteína Rodopsina en nuestros ojos, que nos sirve para detectar la luz. Aunque, hay también no pocos casos en los cuales proteínas de secuencia de aminoácidos distintas tienen funciones muy semejantes.

En la actualidad es de mucha importancia saber los detalles de las secuencias de ADN y del proceso de formación de proteínas al cual, dicho sea de paso, le llamamos traducción (con ARN como intermediario), como para los lenguajes, y en éste sentido la analogía es muy válida ya que las "letras" que forman al ADN (y al ARN) son distintas a las "letras" que forman a las proteínas, así que sería como traducir de un lenguaje a otro.

Al estar en la base de lo que sería una columna de información, el estudio de las secuencias de ADN es especialmente significativo y por ello los científicos se dieron a la tarea de determinar la secuencia de ADN del genoma humano. Es decir, han determinado el orden de los nucleótidos A, C, G y T (un total aproximado de tres millones de nucleótidos) y con ello en principio ya podríamos deducir cuál es la secuencia de todas las proteínas

ARN) que definen componentes a

nuestras células. Pero, aún cuando la secuencia del

genoma nos ha acercado mucho a ese punto, no estamos allí todavía, ya que la célula tiene mecanismos muy sofisticados, que a menudo incluyen, por ejemplo, un tipo de edición de las secuencias intermedias de ARN, lo cual en no pocas ocasiones impide predecir con precisión la secuencia proteica basándose sólo en la secuencia de ADN.

Mi interés en los años recientes ha sido el análisis de las secuencias de ADN y en particular el investigar cómo es que secuencias de ADN que a pesar de ser específicas para la misma proteína pueden tener un ordenamiento de los nucleótidos A, C, G y T distinto. Esta flexibilidad en contenido se debe a los detalles del proceso de traducción. Primero, sabemos que los cuatro nucleótidos en el ADN no son interpretados de manera individual sino que son "leídos" o interpretados en grupos de tres, es decir en forma de palabras formadas por tríadas o tripletes. A esos tripletes se les conoce más comúnmente como codones (palabra derivada de código). Así, la información para colocar cada uno de los 20 aminoácidos en las proteínas depende de los codones. Por ejemplo el codón ATG define la presencia del aminoácido Metionina, mientras el codón TGG define la presencia del aminoácido Triptofano. Por lo tanto, la secuencia de ADN escrita arriba se leería como una serie de 7 codones:

I) GAC_TGG_ATG_CTC_CAG_GAT_ATA

y la secuencia correspondiente de 7 aminoácidos (cada amino-

ácido se simboliza con tres letras derivadas de su nombre) sería:

Asp_Trp_Met_Leu_Gln_Asp_Ile
Pero, ocurre que este proceso de traducción de ADN a proteína es un poco más complicado pues si bien Metionina y Triptofano requieren de un solo codón, todos los otros 18 aminoácidos son definidos por al menos 2 y hasta por 6 diferentes codones. Ello sería igual a decir que existen codones que son equivalentes. O, continuando con la analogía con los lenguajes, que en el ADN hay más de una palabra que significa lo mismo, es decir que hay sinónimos. De hecho, a los codones que definen el mismo aminoácido se les ha nombrado precisamente codones sinónimos. Así, si hiciésemos uso de codones sinónimos podríamos significar la misma secuencia de aminoácidos: Asp_Trp_Met_Leu_Gln_Asp_Ile mediante la nueva secuencia de ADN:

II) GAT_TGG_ATG_CTG_CAA_GAC_ATC

Esta secuencia de ADN es totalmente equivalente a la secuencia (I) escrita arriba pues el orden y tipo de aminoácidos es idéntico.

Si se comparan las secuencias de ADN (I) y (II) con detenimiento se hace evidente que los codones tienen parecido, es decir las primeras dos letras o nucleótidos de cada codón o triplete son idénticas pero no así el tercer nucleótido. Claro, con la excepción de los codones para Triptofano

y Metionina, que como se mencionó arriba no tienen codones sinónimos. Este parecido entre los codones sinónimos ocurre muy frecuentemente, aunque no es una

regla absoluta.

Mis investigaciones actuales (teóricas) son sobre el ordenamiento de los codones sinónimos en los genes humanos y en los genes de otros organismos, pero les presentaré los detalles de mi trabajo en una contribución futura.

El Dr. Sánchez Castillo nació en H.H. Cuautla, Morelos. Estudió la carrera de Biología en la Universidad Autónoma del Estado de Morelos, obtuvo los grados de Maestro en Ciencias Bioquímicas en la Facultad de Química de la UNAM y el grado de Doctor (Doctor of Philosophy, PhD) en Genética Bacteriana en la Universidad de Bristol en Inglaterra. El Dr. Sánchez Castillo ha realizado estancias posdoctorales y sabáticas en la Universidad de Texas (UTHSC), en la Universidad de Gotemburgo, Suecia y en el Instituto de Investigaciones Biomédicas de la UNAM. Fue Director de Área en el Instituto Nacional de Salud Pública (SSA, México), miembro fundador electo de la Academia de Ciencias de Morelos en 1993, y recibió la presección estatal Cecilio A. Robelo de Ciencias en 1997. El Dr. Sánchez Castillo ha publicado 38 artículos en revistas internacionales indexadas y 2 capítulos de libros y sus trabajos han recibido 575 citaciones. El Dr. Sánchez Castillo es Investigador Nacional nivel II y actualmente es Profesor-Investigador Titular "C" definitivo de la Facultad de Medicina de la UAEM, asimismo es integrante de la H. Junta de Gobierno de la misma Universidad.

VIENE DE LA PÁG. 25

se unas a otras cuando están separadas por una pequeña distancia, pero repeliéndose cuando se las trata de apretar una contra otra." Entiendo que basándose en los datos disponibles sobre la expansión del universo, las teorías actuales de los cosmólogos ponen a prueba esta hipótesis atómica, pues proponen la existencia de una cosa que probablemente no esté formada por átomos: la materia oscura; pero la hipótesis atómica sigue siendo válida para explicar los fenómenos químicos que se han logrado caracterizar por métodos experimentales en nuestro planeta, incluyendo por supuesto a los del agua. La imagen que acompaña a este texto es una representación

gráfica del arreglo que tienen las moléculas de agua en el hielo común; cada molécula está conformada por un átomo de oxígeno (círculos oscuros (rojos) grandes) y dos de hidrógeno (círculos blancos chicos), y cuenta con cuatro moléculas vecinas en los vértices de un tetraedro centrado en ella. La proyección lateral muestra un arreglo hexagonal, por lo que el hielo común se denomina hielo Ih. Como dato adicional, cabe mencionar que oxígeno significa "generador de ácidos", e hidrógeno significa "generador de agua"; estas denominaciones provienen de la creencia inicial de que todos los ácidos contenían oxígeno, aunque ahora sabemos que no es así, sino que contienen hidrógeno.

Quizás los nombres deberían haberse cambiado; pero eso hubiera llevado a posibles confusiones, así que la comunidad científica optó por conservar esta nomenclatura. La escala molecular es tan pequeña que es imposible usar luz visible para detectar moléculas aisladas, aun grupos de algunas cuantas moléculas. De hecho, con este argumento estoy negando la afirmación que hace un Sr. Masaru Emoto con respecto a que las imágenes que presenta por ejemplo en la película de 2005 titulada ¿Y tú qué @#%!* Sab_s?, sean de moléculas de agua. En realidad se trata de ampliaciones de trozos macroscópicos de hielo o, en el mejor de los casos de copos de nieve, que si bien son microscópicos, tienen

un tamaño varios miles de veces mayor al de las moléculas. Más todavía, en una siguiente contribución a "La Unión de Morelos" intentaré explicar por qué son falsas las afirmaciones del Sr. Emoto con respecto a que el agua pueda percibir los sentimientos humanos; para ello intentaré mostrar a los lectores que los resultados que él presenta como legítimos carecen de validez científica. Comprendo que en este intento debo afrontar el difícil problema de proveer una buena definición de lo que es la validez científica, en especial cuando en mi primera contribución exalté como una virtud el dudar del conocimiento establecido, y que en el párrafo inmediato anterior me atrevo a mencionar a la materia os-

cura. La pregunta es, pues, ¿cómo distinguir una afirmación cierta de una falsa, al menos desde el punto de vista científico? El asunto es tanto más delicado cuanto que una opinión muy extendida acerca de los científicos es que somos "cerrados" a aceptar nuevas ideas, a siquiera considerar legítimas "otras formas de pensar". Así, para responder a la pregunta sobre el criterio de verdad que usamos los científicos, necesitaré el espacio que me permita usar el periódico en una siguiente contribución. Ésta la terminaré mencionando que los científicos no detentamos la exclusividad del escepticismo; lo compartimos con al menos otro gremio, el de los magos profesionales, los ilusionistas.