

El impacto del descubrimiento de la estructura doble del ADN

The impact of the discovery of the double structure of DNA



Lucía P. Martino

luciamartino1@mi.unc.edu.ar

Escuela de Filosofía

Facultad de Filosofía y Humanidades. UNC

Recibido 10/05/2023; aceptado 21/11/2023

Resumen

El presente trabajo expondrá las razones por las cuales consideramos que el descubrimiento de la estructura química del ADN ha sido un hito en la historia de la biología. Argumentaremos que: 1) en la época potenció una gran cantidad de investigaciones, llegándose a comprender el mecanismo de la síntesis de proteínas y a formular el dogma central de la biología; 2) permitió consolidar la biología molecular como una nueva disciplina; 3) potenció el pensamiento visual en biología; 4) si bien el descubrimiento no se configuró como un cambio de paradigma de magnitudes kuhnianas, sí potenció el desarrollo actual de la epigenética y de investigaciones controversiales afines en la disciplina.

Palabras clave: estructura ADN, biología, impacto.

Abstract

This paper will explore the reasons why the discovery of the chemical structure of DNA has been a significant milestone in the history of biology. We will argue that: 1) it boosted a great deal of research at the time, leading to the understanding of the mechanism of protein synthesis and the formulation of the main dogma of biology; 2) it allowed the consolidation of molecular biology as a new discipline; 3) it promoted visual thinking in biology; 4) although the discovery was not considered as a paradigm change of Kuhnian magnitude, it did boost the current development of epigenetics and related controversial research in the discipline.

Key words: DNA structure, biology, impact.

Introducción

El descubrimiento de la estructura doble del ADN atribuido a James Watson y Francis Crick en 1953 ha sido un episodio en la historia de la ciencia que impactó notablemente en biología y ciencias afines. Se han escrito autobiografías, artículos celebrando los 40, 50 y hasta 60 años posteriores al descubrimiento. El químico John T. Edsall comentaba en 1962 que:

El modelo de doble hélice es ahora un símbolo conocido por todo el mundo científico y una gran proporción del público en general. Más que cualquier otro signo visible, se ha convertido en el emblema de los grandes avances que se están haciendo en la biología hoy en día (Edsall, 1962, p. 498)¹

Buscaremos entender por qué sucedió esto: ¿Cómo impactó en la época posterior? ¿Por qué es importante hablar de ello? ¿Qué implicó conocer la química del ADN y la replicación de sus bases a partir de una cierta metodología y no de otra? Mostraremos que este descubrimiento fue relevante para el posterior avance de la ciencia moderna y que preguntas y respuestas fueron replanteadas desde este nuevo conocimiento.

I.

Quizá lo más significativo del descubrimiento de la estructura del ADN fue la cantidad de bibliografía y de experimentación que impulsó este nuevo conocimiento:

Está claro que su propuesta es un hito importante en la mejora de la comprensión de los sistemas biológicos que comenzó en el siglo XIX. Ha habido muchos otros hitos científicos, pero ninguno ha captado de forma tan constante la imaginación del público y de la comunidad científica (Macgregor y Poon, 2003, p. 462).

En distintos artículos científicos se menciona el descubrimiento de la estructura de Watson y Crick como un hito en la historia de la biología. El genetista George Beadle (p.15) escribía en 1955 que “Quizá la propuesta de una estructura específica del ADN por parte de Watson y Crick sea más importante para la biología que cualquier otro avance de las últimas décadas”. Y siete años después, Edsall comentaba que el modelo del ADN de Watson y Crick proporcionó una hipótesis plausible para comprender la replicación en biología, la cual generó “una avalancha de brillantes trabajos experimentales y de pensamiento especulativo, una avalancha que no muestra signos de disminuir” (Edsall, 1962, p.498).

1. Las traducciones me pertenecen.

Por otro lado, el químico biofísico Walter Gratzer se preguntaba en la introducción del libro *Pasión por el ADN*:

¿Qué es, pues, lo que tenía la famosa doble hélice que encendió de tal manera la imaginación de las mentes más brillantes de la época y atrajo incluso a importantes físicos teóricos (una estirpe de hombres acostumbrados a equiparar la biología a la filatelia), tales como George Gamow y Leo Szilard, a su estela? (Watson, 2002, p.18)

También ha resultado llamativo que diversos artículos científicos fueron publicados específicamente para conmemorar los 50 y 60 años del aniversario del descubrimiento del ADN, artículos que reflexionaban sobre aquellos avances que aparecieron en el campo de la biología desde el descubrimiento de la estructura. Por lo que podemos preguntar: ¿Qué avances significativos surgieron en las décadas de 1950 y 1960?

En *Biología Molecular del Gen*, los autores explican que, para la confirmación de la replicación del ADN, el desarrollo de los sistemas *in vitro* fue necesario y que esto no llevó muchos años (Watson, Baker, Bell, 2016, p. 26). Ya en 1956 el bioquímico estadounidense Arthur Kornberg demostraba el mecanismo de replicación del ADN: una monocadena del DNA era el molde que dirigía la síntesis de una cadena complementaria. A su vez, en 1958, en el Instituto Tecnológico de California, Matthew Meselson y Frank W. Stahl verificaban experimentalmente el modelo propuesto por Watson y Crick: consiguieron demostrar que las dos cadenas del ADN se separaban permanentemente durante la duplicación (Watson, Baker, Bell, 2016, p. 27). Todo parecía indicar que el modelo propuesto era correcto, pues ahora se entendía de qué manera el código genético se copiaba cuando se duplicaba un cromosoma. Entonces: ¿qué nuevas inquietudes surgieron a partir de confirmar la replicación del ADN?

Una primera preocupación fue averiguar cómo la información del ADN ordenaba/controlaba/interactuaba con la secuencia de aminoácidos durante la síntesis de proteínas (Watson, Baker, Bell, 2016, p. 27) ¿El ADN era la plantilla para la síntesis de las proteínas? Cierta evidencia refutaba esta hipótesis, porque se sabía que la síntesis de proteínas ocurría fuera del núcleo de la célula (en el citoplasma). Sin embargo, la hipótesis de “un gen, una enzima” daba evidencia a favor de que el ADN especificaba de alguna manera los aminoácidos. Algún tipo de molécula mediadora debería trasladar esta información genética desde el núcleo de la célula al citoplasma.

Una hipótesis plausible era que el ARN fuera la molécula encargada de mediar. Y aquí apareció otra inquietud: ¿Cómo los ácidos ribonucleicos servían de moldes para copiar la información genética del ADN y trasladarla fuera del núcleo para ejecutar la síntesis de proteínas? Esta pregunta desató nuevas investigaciones al respecto: ahora se buscaba comprender la estructura del ARN.

Escribe el historiador Horace Judson (2013, p.236) que el ADN cedió así su lugar al ARN. El problema central de la biología había pasado a ser la síntesis de proteínas. Judson explica que el problema fue abordado desde tres perspectivas: 1) el de la bioquímica, estudiando el transporte de energía y la construcción de moléculas y ateniéndose a los diversos pasos durante la síntesis de proteínas; 2) desde la genética, estudiando bacterias y fagos y; 3) pensando la síntesis de proteínas como una cuestión de codificación (Judson, 2013, p.236). Francis Crick estaba particularmente interesado en este último enfoque, y en 1955 enviaba a sus compañeros del Club de la Corbata de ARN² un artículo³ donde abordaba el estudio de la síntesis de proteínas desde el problema de la codificación y criticaba el artículo de Gamow, explicando que algunas secuencias de aminoácidos no podían codificarse según su esquema. Algo interesante fue que en este artículo postuló la hipótesis de que quizá había moléculas adaptadoras que relacionaban los tripletes de ácido nucleico con los aminoácidos.⁴

Las investigaciones sobre el ARN continuaron y, a partir de datos experimentales, se mostraba en 1960 la participación de una molécula entre el ADN y el ARN durante la síntesis de proteínas: el ARN mensajero (ARNm). Consiguientemente, pruebas de la existencia del ARN mensajero fueron propuestas en 1961 por varios autores y así, “conocido el esquema básico de cómo el ARN participa en la síntesis de proteína, se abrió el camino para experimentos definitivos sobre la naturaleza exacta del código genético” (Watson, 2002, p.60). En el mismo año, Crick y compañeros demostraron que “una secuencia específica de tres bases codificaba cada aminoácido; el código genético era, en efecto, un triplete” (Hayes, 1984, p. 661).

Todos estos avances, impulsados en gran parte por el descubrimiento de la estructura del ADN, fueron necesarios pues revelaron el código genético –ese diccionario que relaciona el lenguaje de cuatro letras del ADN con el lenguaje de veinte letras de las proteínas (Crick, 1989, p.106)– y para descubrir cómo ciertos reactivos y radiaciones generaban mutaciones

2. James Watson y el químico Leslie Orgel sugirieron en 1954 la formación de un club de veinte personas (por ser veinte los aminoácidos) que tuvieran como objetivo dilucidar la estructura del ARN. Gamow, Crick y Brenner, entre otros, participaron del mismo y, aunque este no tuvo ninguna reunión formal, sirvió para que los miembros se comunicaran entre sí avances e hipótesis sobre la estructura del ARN. Fue conocido como el Club de la Corbata de ARN ya que algunos de sus miembros compraron corbatas con las letras del respectivo aminoácido que les era concedido al integrarse al grupo.

3. Crick, C. (1955). On Degenerate Templates and the Adaptor Hypothesis: A Note for the RNA Tie Club. *National Library of Medicine*. Recuperado de <https://collections.nlm.nih.gov/catalog/nlm:nlmuid-101584582X73-doc>

4. Años después estas moléculas fueron llamadas ARN de transferencia.

en las bases del ADN y durante su replicación: si alguna base del ADN cambiaba, luego se formaría un aminoácido diferente, afectando directamente a la función de la proteína (Hayes, 1984, p.661).

En resumen, podemos afirmar que, posterior al descubrimiento del ADN, durante las décadas de 1950 y 1960, los científicos se enfocaron principalmente en investigar el mecanismo de la síntesis de proteínas, porque no había conocimiento acerca de cómo la información de los genes intervenía en la producción de las proteínas. El historiador Horace Judson comenta que:

Ninguna otra ciencia, ni la física nuclear, se ha expandido como lo hizo la biología en América del Norte y Europa desde mediados de los cincuenta hasta mediados de los sesenta: nuevas personas, nuevos y más grandes laboratorios, más y más nutridas reuniones y revistas y libros. El dólar era constante y la biología flexible, prometedora y todavía barata (Judson, 2013, p.233)

Esto fue sumamente importante porque la cantidad de bibliografía referente al tema condujo a formular el llamado dogma central de la biología: en agosto de 1970 Crick publicaba en *Nature* un artículo⁵ donde explicaba el significado e importancia del mismo. Crick desarrollaba allí cómo se producían las proteínas y cómo intervenían los genes en este mecanismo. ¿En resumen? el ADN se replica, luego se transcribe en ARN y este último se traduce en proteína.

Sin embargo, las investigaciones no se redujeron solo al ámbito de la biología. Escribe Olby que los que vivieron el entusiasmo científico de la década de 1960 recordarán con qué ímpetu trabajaron los científicos y la manera cómo el modelo de Crick y Watson fomentó a la investigación incluso en otras disciplinas, como la neurobiología. El autor menciona que la investigación científica estuvo orientada a buscar pruebas de que el ARN estaba involucrado en el funcionamiento de la memoria, en que servía para almacenar los propios recuerdos en un código químico –similar a la función del ADN con los genes– (Olby, 1994, párr. 39.36).

5. Crick, F. (1970). Central Dogma of Molecular Biology. *Nature*. 227, 561-563.

II.

Por otro lado, diversos manuales de texto mencionan el descubrimiento de la estructura del ADN como fundamental para la consolidación de una nueva disciplina: la biología molecular. Se escribe en *Biología Molecular del Gen*: “El campo de la biología molecular, como se lo entiende en la actualidad, nació con el descubrimiento de la estructura del DNA y las prioridades de investigación que esa estructura suscitó de modo consecutivo” (Watson, Baker, Bell, 2016, p.5). También se afirma que “El hallazgo de la estructura del ADN es uno de los descubrimientos esenciales en las ciencias de la vida y marcó el inicio de la biología molecular moderna” (Montes, Rodríguez, Borunda, 2013, p.8). Y comenta el biólogo español Ginés Morata que este: “es el manual de instrucciones para hacer un ser vivo y el desciframiento de los mecanismos básicos de la función génica, el código genético y la manufactura de proteínas, marcan el comienzo de la biología molecular” (2008, p.164). Esto fue, en gran parte, debido a que con el descubrimiento de la estructura del ADN se introdujo una nueva red conceptual en la disciplina. Como ya vimos anteriormente, el descubrimiento dio lugar a que mecanismos como la síntesis de proteínas pudieran ser explicados y desarrollados, y que el concepto de dogma central de la biología, entre otros, fuera explicitado. Lo interesante de ello es notar que esta red conceptual ayudó a resolver problemas conceptuales que no se derivaban exactamente del cuerpo teórico al cual se asocia el descubrimiento, sino que permitió que se aplicaran a problemas no propios. Esto no fue algo menor, pues hizo que la biología molecular configurara gran parte de su estructura conceptual y estilo, lo que luego le permitió resolver problemas conceptuales y correlatos experimentales afines a la disciplina. Escribe Judson al respecto:

La biología molecular es una disciplina, un nivel de análisis, un conjunto de herramientas, es decir, está unificada por el estilo tanto como por el contenido (...) La biología molecular es una expectativa. Los biólogos moleculares dan por sentado que se puede llegar a *un cierto tipo de explicación*, un tipo de explicación que ni siquiera era concebible hace cuarenta años. (Judson, 2013, pp. 177-178) (*cursiva mía*).

Asimismo, en la medida que aparecieron nuevos avances tecnológicos la biología molecular se continuó consolidando. En la década de 1970 avances como el de la capacidad de secuenciar rápidamente el ADN y la aparición de un método rápido y barato de síntesis de cadenas cortas de ADN fueron significativos (Macgregor y Poon, 2003, p.463). Estos progresos iban configurando poco a poco los conocimientos para poder alterar el ADN de una célula viva.

En 1984 comentaba el genetista William Hayes no solo que el descubrimiento de la estructura era el más destacado del siglo XX en biología (1984, p.661), sino que también ya se podía prever cómo la biología molecular era una disciplina potencial para la vida moderna y el bienestar humano. Esta disciplina tenía injerencias en aspectos tales como el crecimiento de las plantas de cultivo y en la medicina. Lo que resulta interesante destacar es cómo el conocimiento de la estructura del ADN fue lo que impulsó, en gran parte, que estos avances aparecieran y, con ello, se continuara consolidando la biología molecular, junto con su red conceptual, como una nueva disciplina científica. Como manifiesta Eckdahl (2003, p.107):

El desarrollo de cada uno de estos métodos se basó en el conocimiento de la estructura del ADN, en particular las reglas de emparejamiento de bases descubiertas por James Watson. Provocaron una revolución en la genética que se extendió rápidamente al resto de la biología, dando lugar a avances en la investigación básica y aplicada.

No con esto queremos decir que sin el descubrimiento de la configuración estereoquímica del ADN la biología molecular no se hubiera consolidado, sino que estamos de acuerdo en que:

Aunque se puede argumentar que gran parte de la biología molecular podría haber existido en algo parecido a su forma actual sin la estructura propuesta por Watson y Crick, el hecho de que el ADN sea realmente una estructura de doble cadena ha tenido implicaciones en áreas de la ciencia que probablemente no se esperaban hace 50 años. (Macgregor y Poon, 2003, p.464).

Por otro lado, Eckdahl menciona que uno de los proyectos más destacados a partir de la investigación que surgió con el descubrimiento del ADN fue el Proyecto Genoma Humano. Este fue iniciado en 1990 con financiación del Departamento de Energía de los Estados Unidos (DOE) y los Institutos Nacionales de Salud (NIH) con el objetivo de secuenciar todo el ADN de una célula humana. Esto constituyó un gran logro porque permitió identificar genes específicos que codificaban enfermedades y mejorar el desarrollo de fármacos. Además, todos estos avances permitieron configurar una prueba de la evolución, parte de aquello postulado por Darwin y Wallace años atrás. A partir de las investigaciones se pudo dilucidar que el código genético era universal para todos los organismos, y esto se convertía en una fuerte evidencia a favor de que todos los organismos descienden de un mismo antepasado ancestral (Morata, 2008, p.162).

El campo de la biología molecular se presentaba como vasto y complejo. Y el descubrimiento del ADN se configuró como relevante en su historia.

III.

Por otro lado, la metodología con la cual se descubrió el ADN se tornó significativa en la medida que potenció el pensamiento visual en biología⁶.

Los investigadores del Cavendish descubrieron la estructura del ADN por medio de la manipulación de modelos físicos, con piezas de metal y de cartón. Y esto implicó posteriormente un cambio en cómo se pensaban los datos: “El gen ya no era una entidad misteriosa, cuyo comportamiento solo podía investigarse mediante experimentos genéticos. En cambio, pronto se convirtió en un objeto molecular real acerca del cual los químicos podían pensar en forma objetiva” (Watson, Baker, Bell, 2016, p. 25). El uso de modelos permitió que algo que a simple vista no podía observarse, ahora había cobrado una cierta materialidad física que posibilitaba razonar de manera más sencilla sobre la molécula. De repente, la manipulación de modelos –ya sean físicos o computacionales– era incluso más útil que otros métodos como mecanismo para la comprensión de las estructuras biológicas y sus posibles transformaciones. Por esto, se acentuó “la importancia del pensamiento visual para la biología molecular” (Wendler, 2015, p.78). Lo interesante a destacar aquí es que el descubrimiento del ADN también impactó en la metodología utilizada para abordar y resolver problemas conceptuales sin utilizar estricta y únicamente conceptos.

IV.

Finalmente, una duda que podríamos plantearnos para evaluar el impacto es: ¿el descubrimiento de la estructura del ADN implicó una revolución al estilo Kuhn en biología? Podemos considerar algunas buenas razones para defender esto: colaboró a que se desarrollara una nueva disciplina, potenció el pensamiento visual en la misma, implicó un cambio conceptual que impactó en la resolución de problemas y las estructuras biológicas ahora podían ser explicadas de manera más precisa:

Con el notable crecimiento durante este siglo en nuestra comprensión de la química de las cosas vivas se ha hecho evidente que estos problemas gemelos, la herencia y la evolución, deben tener explicaciones en términos de la química a nivel molecular (Brown, 1959, p. 7)

6. Sobre estos aspectos pueden verse reflexiones epistemológicas recientes en Bueno, O. (2007). Visual Reasoning in Science and Mathematics. En Lorenzo Magnani y Claudia Casadio (eds.), *Model-based reasoning in science and technology: Logical, Epistemological and Cognitive Issues* (Dordrecht: Springer, 2016), 3-19.

Además, el descubrimiento permitió que esta nueva red conceptual solucionara problemas conceptuales afines a la disciplina, a pesar de no estar estos estrictamente ligados a la estructura del ADN. En este sentido, se vio reforzado el lenguaje teórico asociado al cuerpo conceptual propio del ADN y este cuerpo conceptual permitió resolver problemas no propios. Así, de ser una ciencia centrada en la observación (pensemos en Darwin) y en la estadística (pensemos en Mendel), ahora se había convertido en una ciencia esencialmente molecular y química.

En su texto *Análisis de la teoría genética a la luz de la estructura de las revoluciones científicas*, los autores delimitan a la Teoría Genética Clásica como la comprendida desde Mendel hasta el descubrimiento del ADN en 1953 y a la Teoría Genética Molecular como el período que abarca desde 1953 hasta la actualidad del artículo (2015), momento donde se está conformando una nueva Teoría. La Teoría Genética Molecular implicó los avances mencionados: la postulación del dogma central de la Biología, la comprensión cada vez más profunda y acabada del funcionamiento del ARN, los cambios en el concepto de gen, el Proyecto Genoma Humano, entre otros. Y la pregunta es: ¿Podemos pensar en una revolución al estilo kuhniano entre el paso de una teoría a la otra? Los autores del artículo mencionado apuestan por una postura moderada: a lo mejor, ambas teorías forman parte del mismo paradigma científico, el de la Genética (Martínez-Gómez, Cuevas-Badallo, Cerezo, 2015, p.38). Se podría pensar que la Teoría Genética Molecular se configuró como una más compleja que incluía la Teoría Genética Clásica.

En otro artículo del mismo año, el Doctor en Filosofía Petter Portin comenta algo en concordancia, para él los descubrimientos que establecieron la teoría del ADN no fueron anomalías, sino continuaciones lógicas de la teoría cromosómica de la herencia (Portin, 2015, p.18). Debido a esto no sería para el filósofo lo más adecuado hablar de un cambio de paradigma al estilo kuhniano a partir del descubrimiento del ADN. Él considera que: “Más bien, la teoría del ADN debe entenderse como una extensión del paradigma mendeliano; nuestra comprensión, con respecto al material genético, se profundizó desde el nivel citológico de los cromosomas hasta el nivel bioquímico de las moléculas” (Portin, 2015, p.18). Por lo tanto, por más que el descubrimiento de la estructura del ADN fue significativo para la época y se encausó como promotor de una gran cantidad de investigación y bibliografía científica, luego no se configuró como una revolución en biología y posterior cambio de paradigma. Simplemente permitió ser más preciso con algunas terminologías y configuró una nueva explicación para los fenómenos. Sin embargo, ambos artículos concuerdan en otro aspecto: que en la actualidad (2015) ciertas anomalías y factores parecen estar configurando un nuevo cambio de paradigma.

Los autores de *Análisis de la teoría genética a la luz de la estructura de las revoluciones científicas* hablan de una nueva teoría que está surgiendo y sucediendo a la Teoría Genética Molecular: la Nueva teoría de Procesos moleculares. Esta última está caracterizada por: 1) la incorporación de métodos de secuenciación masiva del ADN y el ARN, 2) el desarrollo de genomas completos y 3) enfocarse en el estudio del ARN y los procesos de su regulación (Martínez-Gómez, Cuevas-Badallo, Cerezo, 2015, p.39). Para ellos, en esta Etapa Post Genómica se mostraron ciertas anomalías en el dogma central de la Biología y se inició el estudio de posibles mutaciones adaptativas del ADN por influencia del medio ambiente y la variación epigenética del genoma y su posible heredabilidad (Martínez-Gómez, Cuevas-Badallo, Cerezo, 2015, p.42).

El artículo de Portin también considera que ciertas anomalías se fueron configurando en los últimos diez años. Con anomalías se refiere a ciertos fenómenos que se configuraban como ajenos al paradigma de la genética clásica o “mendeliana” y que por esto abrirían la posibilidad a un cambio de paradigma. A modo de ejemplo, Portin (2015, p.20) menciona las siguientes anomalías: 1) mutaciones adaptativas –el paradigma mendeliano no las consideraba, solo a las mutaciones aleatorias–; 2) posibilidad de herencia de caracteres adquiridos; 3) estado crítico del concepto del gen.

Sin embargo, la respuesta a si estamos ante una inminente revolución o no requeriría de un estudio más detallado de muchos otros factores y variables que por razones de extensión y objetivo de este trabajo no vamos a desarrollar. A pesar de esto, todo lo mencionado nos permite llegar a la conclusión de que, si bien el descubrimiento de la estructura del ADN fue sumamente importante, no se concibió como el inicio de un nuevo paradigma: sino que permitía explicar los mismos problemas en otro nivel de resolución. Diferente fue la polémica que causó el posterior desarrollo de la epigenética y las variaciones en el concepto de gen que esto trajo consigo. Ahí ya resulta menos clara la conmensurabilidad con el paradigma mendeliano. Pero lo que cabe destacar es que el descubrimiento del ADN se configuró como un avance científico relevante para que posteriormente se configuraran todos estos avances.

Sin embargo, y utilizando la palabra “revolución” en su sentido laxo, concordamos con lo que escribe el químico biofísico Walter Gratzer en la introducción del libro *Pasión por el ADN*: “Lo que está fuera de toda duda es que la estructura del ADN inició una revolución intelectual que nos ha dado respuestas a preguntas que han inquietado a la mente humana desde el alba de la razón” (Watson, 2002, p.21).

V.

Como afirma Portin (2014, *The birth and victories of gene technology and biochemical gene analysis*, párrafo 5): “El descubrimiento de la estructura del ADN hace 60 años ha sido un requisito previo para la marcha triunfal de la genética molecular” y resulta llamativo la cantidad de avances significativos que se han visto en los últimos años al respecto. Ya proyectos como el Genoma Humano permitieron tener una mejor aproximación al hombre y a todos los demás organismos. Gracias a esta secuenciación masiva del ADN los científicos pudieron corroborar que todos los seres vivos compartían idénticas funciones biológicas básicas, a modo de ejemplo, se vio que los seres humanos tienen en común el 60% de los genes con la mosca *Drosophila Melanogaster* (Morata, 2008, p.168):

Los organismos tienen un origen común, como propusieron Darwin y Wallace, comparten el mecanismo de almacenamiento y liberación de la información genética basado en la universalidad de la función del ADN, del ARN y en el mecanismo de código genético. Por último, todos los componentes del Reino Animal comparten el mismo proceso genético de diseño corporal (Morata, 2008, p.166).

El estudio del ADN también abrió puertas, como ya mencionamos en el apartado anterior, a lo que hoy conocemos como epigenética, tema que hasta hoy en día resulta controversial y que se esperan avances significativos para los años venideros.

El reconocido biólogo Conrad H. Waddington fue quien acuñó el término epigenética y con ello quiso “resumir una nueva rama de la biología que se centra en los vínculos entre la expresión de los genes y las proteínas” (Peixoto, Cartron, Serandour, 2020, p.1). Lo sumamente significativo de este avance es que Watson, Crick y tantos otros estaban interesados por dilucidar la estructura química del gen para comprender, por un lado, la manera en que el código se copiaba exactamente igual y pasaba de generación a generación y por otro, para entender cómo la complejidad del mundo viviente era expresada. Y, si bien el descubrimiento de la estructura química del ADN fue una buena primera aproximación para responder estos interrogantes, el desarrollo de la investigación de la epigenética vino a dar nueva luz a estas inquietudes. Parece que no solo aquello escrito en el código genético es suficiente para explicar la complejidad de los organismos biológicos, sino que las llamadas marcas epigenéticas pueden interferir en cómo el código genético se lee, en cómo los genes son expresados. De esta manera, si bien en cada célula está presente toda la información genética, una célula puede codificar, gracias a las marcas epigenéticas, para una determinada parte de un organismo (el ojo, por ejemplo) y no para otro (la piel). Y aquí aparece un aspecto nuevo sumamente importante: parece que los estímulos externos pueden, de una u otra manera, interferir en cómo el ADN es leído.

Estos nuevos conocimientos sobre las marcas epigenéticas son resultado de las últimas dos décadas de investigación:

En efecto, aunque la organización general del ADN se comprendió aproximadamente a mediados del siglo XX, el auge de la epigenética llegó mucho más tarde, durante las décadas de 1990 y 2000, con el pleno desarrollo de la clonación y de las técnicas bioquímicas que permitieron identificar enzimas específicas, redactores y borradores de marcas epigenéticas. Los marcadores epigenéticos más estudiados y conocidos, la metilación del ADN (5mC) y las modificaciones postraduccionales de las histonas, se identificaron rápidamente tras la resolución de la estructura de la doble hélice del ADN (Peixoto, Cartron, Serandour, 2020, p.2).

Por otro lado, también hubo en los últimos años ciertas modificaciones con respecto al ADN y el llamado dogma central de la biología. Esto es sumamente llamativo: no solamente resulta que el código genético no es suficiente para comprender la complejidad de los organismos biológicos –pues las marcas epigenéticas también influyen– sino que ahora se conoce que solo el 2% de toda nuestra información genética es la que codifica para proteínas. El otro 98% de nuestro ADN es no codificante y realiza tareas como la regulación de los genes, empaquetar el ADN en los cromosomas y probablemente otras funciones bioquímicas desconocidas por el momento⁷. Una gran parte de este ADN no codificante es también llamada ADN basura, por ser regiones del ADN sin función aparente –hasta el momento.

Todas estas nuevas investigaciones influyeron en cómo se concebía el dogma central de la biología propuesto por Crick en 1970. Ahora se conoce que no todo el ADN codifica para proteína, siendo que hay mucho ADN que directamente no se transcribe a ARN, y que gran parte del ARN transcrito –la región de los intrones⁸– se pierde (no se traduce a proteína). También hay que mencionar que se han descubierto recientemente excepciones al dogma, la dirección parece que no es siempre de ADN→ARN → proteína como fue propuesto en un primer momento por Crick. Sabemos en la actualidad que existen ciertas excepciones a esta regla, ejemplos de ellas son 1) la transcripción inversa: en este proceso una enzima realiza una copia de ADN a partir del ARN. Esto sucede cuando, por ejemplo, un virus del VIH infecta a una célula. Este proceso es una excepción al dogma: la dirección se torna de

7. *ADN no codificante*. Genome.gov. (s.f.). Recuperado el 1 de mayo, 2023, de <https://www.genome.gov/es/genetics-glossary/ADN-no-codificante>

8. Se conoce que los genes del genoma están formados por exones y por intrones. Los exones son los que permanecen en el ARNm y que codifican para aminoácidos, en cambio los intrones no codifican para aminoácidos. Cuando los genes se transcriben, esos exones e intrones se incluyen en los productos iniciales de ARN mensajero. Sin embargo, los intrones se eliminan durante el proceso llamado *splicing*, de modo que sólo los exones se incluyen en el ARNm maduro y se utilizan para dictar qué proteínas se producen. Instituto Nacional del Cáncer, recuperado el 1 de mayo, 2023, de <https://www.genome.gov/genetics-glossary/Intron>

ARN→ADN; 2) están los llamados priones, que son agentes infecciosos formados por solo proteínas, sin necesitar una previa transcripción ni traducción para formarse; 3) están las ribozimas, las cuales son ácidos ribonucleicos que actúan como si fueran enzimas (de allí su nombre). Se ha visto que algunos de ellos pueden replicarse y; 4) algunos virus de ARN utilizan el ácido ribonucleico como material genético, prescindiendo del ADN; entre otras excepciones a la regla.

Conclusión

Consideramos que el descubrimiento de la estructura del ADN, con todo lo que implicó, ha sido, y será, un hito en la historia de la biología: vino a dar respuestas a grandes interrogantes y configuró el comienzo de avances e investigaciones científicas.

Además, el descubrimiento vino a iluminar y clarificar el campo de la biología. Por un lado, solucionó problemas en la medida que implicó introducir una nueva red conceptual en la disciplina. Por otro lado, también impactó en la metodología utilizada para enseñar y pensar la biología: se potenció el pensamiento visual en la misma, por lo que los manuales posteriores estuvieron constituidos principalmente por imágenes con potencial explicativo. Así, si bien este descubrimiento no consistió en una revolución de magnitudes kuhnianas, implicó plantear los mismos problemas y resolver incluso otros nuevos bajo parámetros distintos, configurando y expandiendo el campo de la biología molecular como una nueva disciplina científica. Por último, consideramos que tanto el descubrimiento de la estereoquímica del ADN como los avances posteriores posibilitaron y potenciaron el desarrollo actual de la epigenética como un nuevo e innovador campo de estudio en biología. Mencionamos esto porque si bien el descubrimiento de la estructura química del ADN fue una buena primera aproximación a responder ciertos interrogantes acerca de la vida y cómo esta se expresa, la investigación en epigenética alteró de manera contundente estas respuestas. Parece que no solo aquello escrito en el código genético es explica la complejidad de los organismos biológicos, sino que las marcas epigenéticas pueden interferir en cómo el código genético se lee. Estas últimas investigaciones se han configurado como sumamente innovadoras en la disciplina, y el descubrimiento de la estructura química del ADN resultó fundamental para ello.

En la actualidad sabemos que, contrario a lo que Crick creía, con él no se terminaron de perfilar las bases del «secreto de la vida». Los avances actuales son determinantes en ello: aún quedan muchos aspectos por investigar para lograr comprender cómo los genes se transmiten de generación en generación y cómo se expresa la maravilla de la vida.

Agradecimientos

Dedico un especial agradecimiento al Dr. Hernán Severgnini y al Dr. Mariano Severgnini, quienes leyeron, guiaron y me acompañaron en la elaboración del Trabajo Final de Licenciatura.

Recuerdo también aquí al Dr. Luis Salvático, quién me enseñó las bases de Historia de la Ciencia y me acompañó en gran parte de mi trayectoria académica.

Bibliografía

- Beadle, G. (1955). What Is a Gene?. *AIBS Bulletin*, 5(5), 15.
- Brown, D. (1959). The Nucleic Acids and Heredity: British Scientists' Theories on Evolution. *The American Biology Teacher*, 21(1), 7-9.
- Crick, F. (1989). *Qué loco propósito*. TusQuets Editores.
- Eckdahl, T. (2003). The 50th Anniversary of the Discovery of the DNA Double Helix. *Bios*, 74(4), 105-109.
- Edsall, J. (1962). Nobel Prize: Two Britons, American Share 1962 Award for Genetic Code Achievement. *Science, New Series*, 138(3539), 498-500.
- Hayes, W. (1984). Max Delbrück and the Birth of Molecular Biology. *Social Research*, 51(3), pp. 641-673.
- Instituto Nacional del Cáncer. (s.f). En *Diccionario de Cáncer del NHI*. Recuperado en 1 de mayo de 2023, de <https://www.cancer.gov/espanol/publicaciones/diccionarios/diccionario-cancer>
- Judson, H. (2013). *The eighth day of creation*. Cold Spring Harbor Press.
- Macgregor, R y Poon, G. (2003). The DNA double helix fifty years on. *Computational Biology and Chemistry*, 27(4-5), 461-467. doi: [10.1016/j.compbiolchem.2003.08.001](https://doi.org/10.1016/j.compbiolchem.2003.08.001)
- Martínez-Gómez, P., Cuevas-Badallo, A., Cerezo, M. (2015). Análisis de la teoría genética a la luz de la estructura de las revoluciones científicas. *Revista de Humanidades de Valparaíso*, Año 3(6), 29-48.
- Montes, A., Rodríguez, A., Borunda, J. (2013) *Biología Molecular, Fundamentos y aplicaciones en las ciencias de la salud*. McGraw-Hill Education.
- Morata, G. (2008). El siglo del gen. Biología molecular y genética. En Fundación BBVA. *Fronteras del conocimiento*.161-170.
- Olby, R. (1994). *The path to the double hélix*. University of Washington Press.
- Peixoto, P., Cartron, P. F., Serandour, A. A., & Hervouet, E. (2020). From 1957 to Nowadays: A Brief History of Epigenetics. *International journal of molecular sciences*, 21(20), 7571. <https://doi.org/10.3390/ijms21207571>
- Portin, P. (2014). The birth and development of the DNA theory of inheritance: sixty years since the discovery of the structure of DNA. *Journal of Genetics*, 93(1).

- Portin, P. (2015). The Development of Genetics in the Light of Thomas Kuhn's Theory of Scientific Revolutions. *Recent advances in DNA and gene sequences*, 9 (1), 14-25. <https://doi.org/10.2174/2352092209666150921110920>
- Watson, J. (2002). *Pasión por el ADN*. Crítica.
- Watson, J., Baker, T., Bell, S., Gann, A., Levine, M., Losick, R. y Harrison, S. (2016). *Biología Molecular del Gen*. Panamericana.
- Wendler, R. (2015). Thinking with Models: On the Genesis of James Watson's Molecular Biology of the Gene. In H. Bredekamp, V. Dünkel & B. Schneider (Ed.), *The Technical Image: A History of Styles in Scientific Imagery* (pp. 74-80). Chicago: University of Chicago Press. <https://doi.org/10.7208/9780226258980-012>