

Los últimos cincuenta años: el tiempo del conocimiento y la violencia

The last fifty years: time of knowledge and violence

Ronanth Zavaleta Mercado*

Resumen

El presente es el primero de tres ensayos que analizan los avances logrados por la humanidad en áreas de las ciencias naturales en los últimos cincuenta años y los contrasta con el conocimiento acumulado a lo largo de su historia. En los primeros dos se incluyen análisis sucintos en algunos campos de la biología y la bioquímica, así como también en áreas de la física, y se analizan las contribuciones importantes alcanzadas en los últimos cincuenta años en estas áreas, lo que lleva a concluir que el siglo XX ha sido, ciertamente, el siglo del conocimiento, en especial en estas esferas del conocimiento humano.

Pero paralelamente ha sido uno al menos contradictorio en lo que se refiere al desarrollo a escala humana. Al mismo tiempo en que se lograban adiciones de importancia al conocimiento científico, el mundo ha estado confrontando conflictos bélicos de forma casi constante que han ido destruyendo generaciones enteras de hombres jóvenes. A este fin se han destinado ingentes riquezas que podían haber tenido un mejor uso. Esta violencia ha sido también ejercitada sobre el medio ambiente, y a pesar de entenderse el

* Decano de la Facultad de Ciencias Exactas e Ingeniería de la Universidad Católica Boliviana "San Pablo".
Contacto: ronanth.zavaleta@gmail.com

daño que se inflige, no ha sido posible lograr acuerdos fundamentales que lo minimicen. Ésta es la temática abordada en el tercero, que cuestiona la sabiduría humana en la administración del conocimiento adquirido y su viabilidad misma a largo plazo.

Abstract

This article is the first of three essays where the achievements in the natural sciences area is analyzed and compared with those accumulated over the whole human history. In the first two of them some consideration is given to areas of biology-biochemistry and physics, and an analysis is performed on the important contributions reached over the last fifty year, reaching the conclusion that the 20th Century has been indeed, the century of knowledge, specifically in these areas of human knowledge.

But, at the same time, this period of time has been one at least contradictory in reference to development at human scale. At the same time when important additions were made to scientific knowledge, the world has assisted to a quasi-continuous state of war that destroyed entire generations of young man. To this purpose huge amounts of wealth have been expended that certainly could have had better uses. This sort of violence has been also exerted on the environment, and even though the damage caused is quite well understood, it was not possible to reach fundamental international agreements aimed at minimizing it. This is analyzed in the third essay, which questions human wisdom in the administration of human knowledge and its long term viability.

1. Introducción

Probablemente no exista otro tiempo en la historia de la humanidad en el cual se haya incrementado el acervo de conocimiento científico aplicado y tecnológico en forma tan acelerada como el experimentado en las últimas cinco décadas. El hombre, que barruntaba el principio de la vida a comienzos de 1960, contempla ahora el genoma humano y visualiza aplicaciones fuera de concepción hace tres décadas. Aprehende más la maravillosa arquitectura de la vida e intenta manipularla, pero duda, porque entiende que ésta es un designio y diseño divino, más allá de su complejidad insondable.

Explotando por encima de su reposición natural las fuentes convencionales de energía, la humanidad es consciente que tiene un tiempo corto para su reemplazo, unas pocas décadas, y ambiciona generar otra, limpia y virtualmente infinita, que permita proyectar su estirpe muy lejos en el futuro. Busca entonces el sol como inspiración e intenta reproducir en la tierra su maquinaria de energía.

Visita como nunca su entorno universal y conoce y holla mundos impolutos e incrementa su conocimiento. Puede ver y oír más lejos que nunca en el espacio exterior y verifica sus interpretaciones y genera otras. No resuelve sin embargo el problema inherente a su falta de perennidad y discurre simplemente buscando mundos afines accesibles, como una suerte de extensión de un reflejo vital.

Se sumerge en el espacio subatómico y acelera su comprensión del universo pero aun no concilia ambos. Sus leyes son restringidas y sus modelos imperfectos no reflejan el comportamiento de su entorno sino en circunstancias límite.

Genera, sin embargo, herramientas poderosas. La persona corriente tiene en sus manos medios de cálculo cuya potencia es centenares de veces superior a la que utilizara para enviar al hombre a la luna. El conocimiento humano acumulado está disponible para el que quiera utilizarlo, pero constituye un mundo vasto y multifacético donde el esfuerzo individual parece irremediamente.

Mientras tanto, utiliza recursos primordiales a un ritmo insostenible para el planeta y busca soluciones infructuosamente, intuyendo que su tiempo acotado se acaba. Sin embargo, utiliza ingentes recursos en una vesania autodestructiva ominosa que desnuda su condición.

Los habitantes del mundo industrializado utilizan cinco veces más energía que la que se utilizaba hace cuatro décadas, sin que su calidad de vida se haya incrementado paralelamente. Mientras tanto, la población del planeta se ha incrementado en más del 300%, sin que se pueda avizorar resolver los problemas de alimentación, miseria, educación y salud.

La violencia que se ejerce sobre la humanidad y el medio ambiente se ha incrementado ciertamente más que la consecución del conocimiento. Dentro de esta lógica funesta, el final del tiempo actual resulta entonces previsible.

Primera parte: las ciencias biológicas

2. La bioquímica de la vida: los polímeros naturales

2.1. Proteínas: bloques de la vida

Las proteínas son macromoléculas presentes en todos los seres vivos. Alrededor del 50% del peso seco de los seres humanos es proteína. Las proteínas constituyen los principales componentes estructurales de los tejidos animales, y son componentes esenciales de la piel, uñas, cartílago, pelo y músculos. Son responsables también de gran número de funciones diferentes, como el transporte y distribución de sustancias vitales, el movimiento coordinado, el soporte mecánico y la defensa contra enfermedades. Otras proteínas catalizan reacciones esenciales para la vida, transportan oxígeno y regulan procesos humanos (Brown, Le May y Bursten, 1997: 956). Se ha estimado que el cuerpo humano contiene alrededor de 100.000 tipos de proteínas, cada una de las cuales tiene una función fisiológica diferente (Chang, 2007: 1045).

Sin importar su función, tienen estructuras químicas troncales parecidas y están compuestas por bloques fundamentales denominados aminoácidos, constituyendo parte importante de los polímeros naturales (del griego, *mero*, unidad, y *poli*, muchos). Otros polímeros naturales de importancia son los ácidos nucleicos y los carbohidratos.

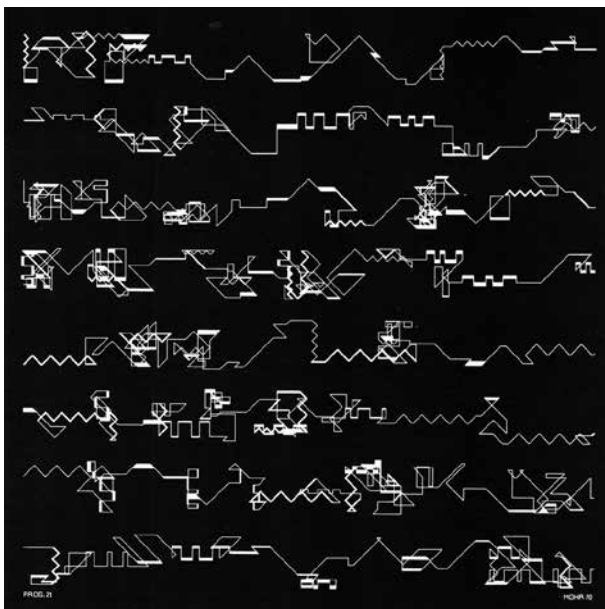
Cuando en 1820 Henri Braconnot decidió calentar gelatina, una sustancia derivada de tejidos conjuntivos de organismos vivos, en presencia de un ácido fuerte, obtuvo una sustancia cristalina dulce que, a pesar de las sospechas generadas, no era azúcar, ya que a partir de ella se podía generar amoníaco, un compuesto portador de nitrógeno, no presente en ninguno de los azúcares conocidos. A este compuesto le dio el nombre de glicina, del griego “dulce”. Siguiendo una metodología similar, pero utilizando tejido muscular en lugar de gelatina, derivó una sustancia cristalina blanca, a la que denominó leucina, a partir de la palabra blanco en griego (Asimov, 1985: 508). Éstos son dos de veinte α -aminoácidos que conforman la mayoría de los tejidos de los organismos vivos y que fueron descubiertos siguiendo posteriormente prácticas químicas sencillas.

El nombre de aminoácido deriva del hecho de que una combinación de un grupo amina, portador de nitrógeno, combinado con un radical ácido (carboxílico), se hallaba presente en todos ellos. La diferencia entre los diferentes aminoácidos radicaba en la naturaleza de las cadenas laterales adosadas químicamente al eje troncal amino-carboxílico. Resultó que la glicina constituía el más simple, ya que su cadena lateral se reducía a un átomo de hidrogeno, mientras otros podían contener cadenas químicas de diferente complejidad incluyendo estructuras aromáticas (derivadas del benceno) e incluso átomos otros diferentes a los asociados normalmente con la materia orgánica (C, H, O, N), como el azufre (S) (Asimov, 1985: 510). El cuerpo humano puede sintetizar solamente 10 de los α -aminoácidos requeridos para la vida, debiendo ingerir los restantes diez, que por esta razón se denominan esenciales.

A finales del siglo XIX ya se tenía evidencia de que las proteínas constituían moléculas gigantes de elevada masa molar, constituidas por cadenas, a veces muy largas de aminoácidos, unidas por sus cadenas amino-carboxílicas. Pero a diferencia de otros polímeros naturales, como la celulosa, formada íntegramente por azúcares de seis carbonos, o las gomas, formadas por cadenas de neopreno, las proteínas formaban cadenas extensas pero de componentes diferentes (los veinte α -aminoácidos).

En 1901, Emil Fischer planteó que los aminoácidos se unían entre sí por reacciones de condensación, formando pares conectados por enlaces amida, que se forman al reaccionar una base orgánica con un ácido orgánico, liberando una molécula de agua (de ahí el nombre de reacción de condensación). Esta unidad básica fue denominada "péptido" por Fisher (Asimov, 1985: 510), bajo la suposición de que eran las cadenas elementales que se formaban en el estómago en la digestión de las proteínas. Sintetizó en 1907 una cadena polipéptida formada por 18 aminoácidos, pero que mostraba propiedades que diferían mucho de aquéllas demostradas por las proteínas. La diferencia radicaba en el hecho de que las proteínas tienen masas molares enormes en comparación de los sencillos polipéptidos sintetizados al comienzo del siglo XX.

Considérese, por ejemplo, la hemoglobina, proteína contenida en los glóbulos rojos de la sangre y responsable del transporte de oxígeno. Una proteína de tamaño mediano está constituida por alrededor de 550 aminoácidos con una masa molar cercana a 67000 (Asimov, 1985: 511). Las proteínas son polipéptidos con masas molares comprendidas entre 6.000 y 50 millones (Brown, Le May y Bursten, 1997:959). Si se toma en cuenta que las proteínas son polipéptidos formados por 20 aminoácidos diferentes dispuestos en cadenas de



M. Mohr: "Digital graphic produced with a random number generator ...", 1970.

cientos de unidades, las combinaciones posibles parecen no tener límites. Lo anterior se visualiza aun mejor si se considera que con 20 aminoácidos diferentes se puede formar $20^2=400$ dipéptidos diferentes, el oligomero más sencillo posible. Aun para una proteína pequeña como la insulina, que contiene tan solamente 50 residuos de aminoácidos, es posible formar 20^{50} , o sea 10^{65} estructuras químicas posibles. Este número no es fácil de asimilar en su dimensión, pero ayuda el hecho de pensar que el número total de átomos de nuestra galaxia es de 10^{68} .

Con tantas posibilidades existentes, resulta asombroso que generación tras generación las células puedan producir proteínas idénticas para llevar a cabo funciones específicas (Chang, 2007: 1049). Un cambio en tan solo uno de los péptidos en la secuencia proteínica puede causar una alteración de sus propiedades bioquímicas, como ocurre en el caso de la "anemia de células falciformes", un desorden genético que modifica tan solo uno de los aminoácidos de la hemoglobina, al cambiar una cadena lateral constituida por un grupo carboxílico por un hidrocarburo, lo que ocasiona una modificación de la solubilidad de la hemoglobina, su cristalización, deformación de los hematíes y taponamiento capilar (Brown, Le May y Bursten, 1997:960).

Por todo el conocimiento acumulado por la humanidad con anterioridad, es recién en 1951 que Linus Pauling y Robert Braynard Corey sugirieron que los α -aminoácidos en los polipéptidos formaban estructuras helicoidales con pasos de unos pocos Ångström ($1 \text{ \AA} = 0.000000001\text{m}$), debidas a los denominados "puentes de hidrógeno" (Asimov, 1985: 514), es decir, fuerzas débiles asociadas con la formación de dipolos moleculares, por fuerzas electrostáticas entre cadenas de diferente carga y por puentes de S (enlaces disulfuro) en aquellos casos en que se dispone de átomos de S.

Por otro lado, el problema de la identificación y secuencia de los aminoácidos en las cadenas proteicas resultó ser una tarea monumental. Recién en 1952 se dilucidó muy laboriosamente la estructura y secuencia de una proteína peque-

ña (la insulina, con una masa molar de solamente 6000) trabajo que le valió a Frederick Sanger, bioquímico inglés, el premio Nobel en 1958 (Asimov, 1985: 522). Esta técnica fue depurada y automatizada a partir de 1967. El químico sueco P. Edman creó un “secuenciador” que podía trabajar con pequeñas muestras de proteína pura y determinar el orden y tipo de aminoácidos presentes en tiempos cortos. Con esta técnica, en cuatro días se “secuenciaron” 60 aminoácidos de la proteína mioglobina (Asimov, 1985: 522). Esta técnica se encuentra al presente muy depurada y la secuenciación se ha convertido en una operación rutinaria, incluso para proteínas complejas.

El siguiente paso lógico, una vez determinada la secuencia de los aminoácidos en una proteína, consistía en procurar su síntesis. La primera sintetizada en laboratorio fue la pequeña hormona oxitócica (oligopéptido de solo 8 aminoácidos), responsable de las contracciones uterinas al momento del parto. Esta síntesis, realizada por el bioquímico norteamericano Vincent de Vigneaud, le valió el Premio Nobel de Química en 1955.

Los enormes problemas asociados con la adición secuencial de los aminoácidos correspondientes fueron superados con una técnica novedosa que consistía en partir de un monómero insoluble sintético, adicionando la secuencia de aminoácidos deseada por medio de una técnica parecida a la polimerización en bloque en la síntesis química de sustancias poliméricas. En 1965 se sintetizó, siguiendo esta técnica, la insulina, proteína aún pequeña pero ciertamente no un oligopéptido. En 1970, el bioquímico norteamericano Cho Hao Li sintetizó la hormona de crecimiento humano, una cadena de 188 aminoácidos (Asimov, 1985: 523). En 1969 se sintetizó de esta manera un polímero natural de importancia suprema: el ácido ribonucleico, de 124 aminoácidos.

Por toda la importancia primordial que tienen las proteínas, éstas no explican por sí mismas cuestiones como la herencia, y por qué los seres vivos tienen características propias y sintetizan siempre el mismo tipo de proteínas que transmiten a su descendencia.

2.2. Ácidos nucleicos y la célula: la síntesis de proteínas y la herencia

En la década de 1860, Gregor Johann Mendel, un monje agustino austriaco, trabajando con diferentes variedades de plantas de guisantes en su jardín, descubrió los principios fundamentales de la herencia, que darían sentido a la existencia de los cromosomas. Mendel era un botánico aficionado y tuvo el gran mérito de registrar ordenadamente los resultados de sus observaciones, las

que se realizaron sobre características claramente definidas. Su trabajo desembocó en dos principios fundamentales de la herencia: la Ley de Segregación y la Ley de Disposición Independiente (Campbell, 2007: 265). En su trabajo no hacía referencia a terminología reciente, y no utiliza el término “gen”, sino que habla de “factores” como responsables de las características hereditarias que controlaba. La síntesis de las conclusiones mendelianas puede recogerse de la siguiente manera:

- Existen dos formas alternativas para cada característica de la herencia, denominadas actualmente “alelos”. Los alelos podían ser iguales o diferentes.
- Para cada característica heredada, un organismo tiene dos alelos, cada uno heredado de un progenitor.
- El espermatozoide y el óvulo tienen solo un alelo para cada característica hereditaria, ya que los alelos se segregan durante la producción de gametos.
- Cuando los dos alelos de un par son diferentes, uno llega a su expresión completa y el otro resulta totalmente enmascarado, aunque no destruido, denominándose entonces genes dominantes y recesivos, respectivamente.

La Ley de la Segregación de Mendel se establece entonces de la siguiente manera: “Los pares de alelos se segregan durante la formación del gameto, resolviéndose la condición de paridad por la fusión aleatoria de gametos en la fertilización”. Por su parte, la Ley de Disposición Independiente señala lo siguiente: “*Cada par de alelos se segrega en forma independiente durante la formación de gametos*” (Campbell, 2007: 269).

Pero antes de derivar interpretaciones necesarias, convergentes, es necesario describir brevemente el desarrollo de la teoría celular, es decir, del planteamiento de que toda materia viva está constituida por células y que cada una de éstas constituía una unidad independiente de vida.

El líquido coloidal que llenaba ciertas células fue denominado “protoplasma” (la primera forma), demostrándose su semejanza esencial en todas las células. Se decidió también que las células devienen de otras por división ya alrededor de 1860 (Asimov, 1985: 557). Por entonces resultaba ya evidente que los organismos vivos, al margen de su tamaño, empezaban su vida como una célula única. Johann Ham, un técnico en microscopía, descubrió que el semen estaba formado de pequeños cuerpos que posteriormente fueron denominados espermatozoides (“semilla animal”). Posteriormente, el fisiólogo alemán Karl Ernst

von Baer identificó el óvulo de los mamíferos (Asimov, 1985: 557). Al fertilizar un óvulo con un espermatozoide (gametos) se formaba un óvulo fertilizado que por sucesivas divisiones desarrollaba eventualmente un animal. Las células tienen dimensiones de entre 5 a 40 micras (1 micra = 0.000001 m), pero en modo alguno son de estructura uniforme, sino más bien de estructura intrincada, incluyendo un aglomerado relativamente denso que ocupa aproximadamente una décima parte del volumen celular. Esta estructura se denominó núcleo. Se descubrió que, si se dividía una célula en dos partes, una conteniendo el núcleo, esta podía aun dividirse y crecer, al contrario de la otra.

En 1879, Walther Flemming descubrió que ciertos colorantes rojos podían teñir un material particular en el núcleo celular, material que se encontraba distribuido dentro de éste como pequeños gránulos. Denominó a este material “cromatina”, del término “color” en griego. En el proceso de la división celular (mitosis), esta sustancia formaba filamentos que eventualmente se escindían, ocasionando que la célula se estrangulase y formase dos nuevas, en cada una de las cuales se reconstituían los núcleos y el material cromático se disponía nuevamente en gránulos. Éstos fueron denominados “cromosomas” (cuerpos coloreados) por Wilhelm von Waldeyer en 1888, a pesar de no ser coloreados en su estado natural (Asimov, 1985: 559).

Observaciones posteriores demostraron que las células animales y vegetales tenían un número fijo y característico de cromosomas. Al momento de la mitosis, se duplica el número de cromosomas, de forma tal que cada nuevo núcleo restituye el número original.

En 1885 el embriólogo belga Eduard von Beneden descubrió que los cromosomas no se duplicaban al momento de la formación de los gametos, espermatozoide y óvulo, resultando en que estas células germinales tienen solamente la mitad de los cromosomas presentes en las otras células, asignándose a este proceso de división el término de “meiosis”, del griego “hacer menos”. Sin embargo, al momento de la fertilización se restituye el número completo de los cromosomas, debido a la contribución paritaria de cada gameto. Luego procede la mitosis, que permite reproducir la célula fertilizada replicándola con el número completo de cromosomas (Asimov, 1985: 560).

Pero, ¿cuántos cromosomas contiene la célula humana? Por mucho tiempo se pensó que el número era de 24 pares. Recién en 1956 se determinó que en la célula humana existían 23 pares. La técnica desarrollada, que facilita grandemente la determinación del mapa cromosómico, conduce a la determinación

del llamado “cariotipo”, una imagen del contenido cromosómico con numeración consecutiva.

En la mitosis pueden ocurrir accidentes que ocasionen que ésta no se realice en la forma esperada. Si se presentan daños o rupturas en los cromosomas, las células resultantes pueden tener cromosomas de más o menos que los esperados. Estas irregularidades son especialmente problemáticas en la meiosis, transmitiendo la imperfección a todas las células derivadas por mitosis. Normalmente este proceso no resulta viable y termina precozmente, pero en casos desafortunados persiste, como en el caso del Síndrome de Down, en el cual cada célula tiene 47 cromosomas en lugar de los 46 de las células normales. Lo sorprendente de la herencia es sin embargo lo opuesto, la mínima cantidad de errores que se cometen en la replicación de las células, lo que ha permitido la reposición biológica de los individuos, la perduración y la creación de nuevas especies.

Puede ahora, de una manera general, relacionarse la teoría celular con las conclusiones de Mendel sobre la herencia. Queda sin embargo por deslindar la relación entre los cromosomas celulares y la carga genética.

3. El ADN y el código genético

Con base en lo considerado previamente, los cromosomas deben considerarse como portadores de genes, de hecho, muchos de ellos. Una fracción importante de los cromosomas (alrededor del 50%) está compuesta por proteínas, lo que no resulta sorprendente si se considera la relación de éstas con los organismos vivos, y de hecho se esperaba que la herencia estuviera determinada por ellas. Sin embargo, se descubrió que una fracción importante de estas proteínas estaba compuesta por una clase denominada *histona*, más bien pequeña y que contenía un número modesto de aminoácidos, combinación ésta que difícilmente podría justificar la enorme cantidad de características de las especies determinadas por la herencia. En 1869, el bioquímico suizo Friederich Miescher, al descomponer las células con una enzima asociada con los procesos digestivos, la *pepsina*, descubrió que el núcleo no era descompuesto por su acción. Posteriormente descubrió que el núcleo consistía en gran parte de una sustancia que contenía fósforo, muy diferente a las proteínas en sus propiedades, a la que denominó “*nucleína*”, y posteriormente “ácido nucleico”, por su carácter fuertemente ácido (Asimov, 1985: 580).

Posteriormente, por hidrólisis del ácido nucleico se aislaron cuatro bases nitrogenadas: *adenina (A)*, *guanina (G)*, *citocina (C)* y *timina (T)*. Las dos primeras tienen *anillos purínicos* mientras que las dos últimas, *anillos pirimidínicos*, y se denominan respectivamente *purinas* y *pirimidinas*. Luego se determinó que el ácido nucleico contenía también carbohidratos, azúcares de cinco átomos de carbonos, a diferencia de las más comunes *hexosas*, de seis carbonos. Uno de ellos era la *ribosa*, y el otro, que se diferenciaba por tener un átomo menos de oxígeno, recibió la denominación de *desoxirribosa*, dando lugar a dos tipos de ácidos: el ácido ribonucleico (ARN) y el ácido desoxirribonucleico (ADN). Ambos ácidos difieren además en una de las pirimidinas, ya que el primero tenía *uracilo* en lugar de *timina*.

En 1934, Phoebus Aaron Theodore Levene demostró que los ácidos nucleicos podían ser escindidos en fragmentos que contenían una purina o pirimidina, un azúcar de cinco carbonos (ribosa o desoxirribosa) y un grupo fosfato, unidad a la que se denominó *nucleótido*, los que se disponían en cadenas poliméricas parecidas a las de las proteínas, cuyas unidades equivalentes son los aminoácidos (Asimov, 1985: 582). Sin embargo, el número de nucleótidos era pequeño, cuatro en el caso del ADN, que diferían simplemente en la base nitrogenada, adenina (A), guanina (G), citosina (C) y timina (T), y otras cuatro en el ARN, donde la base timina es sustituida por un grupo *uracilo* (U). La forma en que estos nucleótidos se disponen fue dilucidada por el bioquímico inglés Alexander Todd, quien unió nucleótidos entre sí, en condiciones que solo permitían la formación de un tipo de enlace, trabajo por el que recibió el Premio Nobel de Química en 1957.

Con base en análisis químicos y en patrones de difracción de rayos X, James Watson (biólogo estadounidense) y Francis Crick (biólogo inglés) propusieron la estructura doble helicoidal trenzada de la molécula de ADN, lo que les valió compartir el premio Nobel de Medicina y Fisiología en 1962, en lo que es considerado por muchos como el desarrollo de mayor trascendencia en biología en el siglo XX (Chang, 2007: 1054). Esta disposición se debía a la formación de puentes de hidrógeno entre las bases de las dos hebras de cada molécula, siendo el acoplamiento más favorable entre la adenina y la timina. Este modelo explicaba la forma en que un cromosoma puede replicarse a sí mismo en el proceso de la mitosis. El cromosoma puede considerarse como un haz de moléculas de ADN, las cuales se separan primero en estructuras helicoidales individuales, ya que los puentes de hidrógeno no tienen mucha energía.

Cada molécula (hemimolécula), induce la formación de su complemento perdido. La hemimolécula se convierte entonces en un modelo a replicar, tomando materiales que se encuentran en el entorno celular, juntando los nucleótidos faltantes y reproduciendo la doble hélice original, que constituye la estructura termodinámicamente más estable. Se originan de esta manera dos moléculas de doble estructura helicoidal completa. La molécula de ARN consiste de una única estructura helicoidal, existiendo como un polinucleótido, lo que la hace mucho menos eficiente en el proceso de replicación. La masa molar del ADN puede alcanzar a 10.000.000, mientras que la del ARN varía mucho, pero es menor, pudiendo ser de 25.000.

Sin embargo, lo anterior no explica cómo el ADN puede intervenir en la síntesis de una proteína específica, mas allá de la sola replicación. Para este efecto, la molécula de ADN debe determinar la disposición exacta de 20 aminoácidos diferentes en un cierto orden en una molécula formada por cientos o miles de péptidos. El problema resultaría más sencillo si hubiera 20 nucleótidos, pero en realidad se dispone de sólo cuatro. Se descubrió empero que los nucleótidos, en diversas combinaciones, pueden utilizarse como un código genético, en una secuencia parecida a la del código Morse, que en diferentes combinaciones puede representar letras y números. Parece ser que cada terceto de nucleótidos, o grupo de tercetos, representa un aminoácido. Debido a que los tercetos posibles son muy numerosos, se podría esperar que varios de ellos representen un mismo aminoácido. Se habla entonces de estados “degenerados”.

El problema radica en conocer este código, y en saber cómo la información disponible en este código genético que se halla en el núcleo llega al citoplasma, que es donde se forman las proteínas (Asimov, 1985: 587). Se descubrió que el ARN, que tiene una estructura muy similar a la del ADN, se encuentra principalmente contenido en el citoplasma celular, con una pequeña parte disponible en los cromosomas, era responsable de transmitir la información genética, por lo que recibió la denominación de ARN mensajero (mARN). Lo que sucedía en realidad era que, al momento de desenrollarse la molécula de ADN, una de las estructuras helicoidales, y siempre la misma, replicaba su estructura, no sobre los nucleótidos de una molécula de ADN, sino sobre los pertenecientes a una molécula de ARN, la que se convertía en una suerte de impronta, que abandonaba el núcleo y penetraba en el citoplasma, transportando su código genético a los sitios donde se sintetizaban las proteínas. El mARN abandona el núcleo a través de poros en la pared nuclear.

Posteriormente se descubrió que el sitio de síntesis de enzimas en el citoplasma correspondía a unas partículas subcelulares muy pequeñas, ricas en ARN, razón por la cual se las denominó *ribosomas*, haciendo referencia al azúcar de cinco carbonos característico del ARN. Estas partículas, existentes en número elevado dentro del citoplasma, son las más pequeñas de las pequeñas estructuras del citoplasma (*organelas*). Una célula de bacteria tiene unos cuantos miles de ellas, mientras que una hepática humana tiene unos pocos millones. El ARN mensajero se dirigía a los ribosomas transportando su preciosa carga genética, y era ahí donde tenía lugar la síntesis de las proteínas.

Se descubrió que en el citoplasma existían moléculas de ARN de bajo peso molecular, que debido a su pequeña masa molar podían disolverse en el citoplasma, desplazándose de una forma efectiva dentro del líquido circundante. A este tipo de moléculas el bioquímico norteamericano Mahlon Bush Hoagland las denominó ARN soluble (sARN). Resultó entonces que en cada extremo de una molécula de sARN existía un terceto de nucleótidos que se correspondía exactamente con otro complementario contenido en el mARN. Resultaba así que si el sARN contenía, por ejemplo, un terceto ACG, éste se uniría exclusiva y firmemente con el terceto UCG del mARN. Lo propio sucedería con otros tercetos de sARN y mARN, resultando que un número elevado de tercetos de sARN se unirían a la cadena de mARN portadora del código genético. Una vez completada la unión de los tercetos pertinentes de sARN, sucedía el acoplamiento para formar la enzima (proteína) correspondiente. El mecanismo, sin embargo, es mucho más complejo, ya que la cinética de producción de las diferentes proteínas no es constante, sino que es controlada de acuerdo a los requerimientos, existiendo “genes reguladores” y reacciones paralelas, dependiendo de las condiciones, altamente interrelacionadas. A pesar de los notables avances en el campo de la biología, resulta poco probable que pueda entenderse este mecanismo en el mediano plazo.

Queda sin embargo por dilucidar el código genético en sí, es decir, qué



Jordan Wolfson: "Woman sitting", 2011

terceto de nucleótidos se refiere a qué aminoácido. La contribución inicial se debe al trabajo de dos bioquímicos norteamericanos, M., W. Nirenberg y J. H. Matthaei, quienes en 1961 utilizaron un ácido nucleico sintético, formado exclusivamente por uracilo (ácido *poliuridílico*) y que contenía una larga cadena de nucleótidos U y por lo tanto portador de solo un terceto de nucleótidos UUU. Al verter este ácido a un medio que contenía varios aminoácidos, enzimas, ribosomas y otros elementos necesarios en la síntesis de proteínas, se obtuvo exclusivamente el aminoácido fenilalanina. Se había descubierto la primera entrada del Código Genético: ¡UUU significaba fenilalanina!

A continuación se preparó un ácido nucleico formado por nucleótidos uracina (uracilo) con una pequeña cantidad de adenina (A), pudiendo formarse tercetos predominantemente UUU y también AUU y UAU. Se obtuvo una predominancia de fenilalanina, pero también ocasionalmente leucina, isoleucina y tirosina, otros tres aminoácidos. Siguiendo esta metodología pudo completarse el código genético, incluyendo los tercetos degenerados. Así, GAU y GAC representaban ambos ácido aspártico, así como GUU, GUC, GUA y GUG significaban glicina. Pero además, AUG no solamente representaba el aminoácido metionina, sino que implicaba, al parecer, el inicio de una cadena, mientras que UAA y UAG señalaban el final de otra. Para 1967, el código fue completado (Asimov, 1985: 590). Sin embargo, este mecanismo, si bien importante, es aún muy sencillo y no explica ciertamente el fenómeno complejo que es la vida.

Lo anterior fue, empero, suficiente para que el ser humano encuentre métodos para participar en la actividad genética. Aprendió a escindir las cadenas de ADN en posiciones específicas en base a enzimas y recombinar secciones posteriormente, utilizando otras, obteniendo hebras de ADN que eran diferentes a las que les dieron origen. La molécula de *ADN recombinante* así obtenida, podía no haber existido jamás. Como resultado de lo anterior, fue posible modificar las moléculas de ADN, insertando secciones de material genético de interés en otras preexistentes, generando nuevas moléculas con características especiales. Fue así que células bacterianas fueron modificadas para producir, por ejemplo, la hormona *insulina*, de un requerimiento mundial creciente a raíz del crecimiento experimentado por la diabetes. Se puede producir muchas otras sustancias de importancia para la humanidad aplicando esta tecnología, como se hizo con el interferón, un agente antiviral.

Los espectaculares avances posteriores constituyen la historia reciente y desembocaron en el Proyecto Genoma Humano, que se refiere a la secuenciamen-

ción completa de la información genética del ser humano. Para 2012 miles de genomas humanos fueron completamente secuenciados y muchos más a un nivel algo menor. Existe el convencimiento de que este conocimiento llevará a diagnósticos avanzados, al tratamiento de enfermedades y a nuevas visiones respecto a la evolución humana y de otras especies. Las expectativas son muy altas, pero a pesar de ello, no se entiende a cabalidad las funciones biológicas de las proteínas ni de los productos de RNA. Se sugiere que una gran cantidad del ADN dentro del genoma tiene asociadas actividades bioquímicas que incluyen regulación genética, organización de la estructura cromosómica y señales que controlan la herencia epigenética.

Contrariamente a lo esperado, el genoma humano comprende sólo alrededor de 20.000 genes relacionados con código proteico, mucho menos que lo esperado, aproximadamente sólo el 1.5% del genoma total, siendo el resto asociado con moléculas de RNA no relacionadas a la síntesis proteica, secuencias de DNA reguladoras y otras que no se sabe al presente el rol que desempeñan.

4. Conclusión

El ser humano descubre más, conoce más pero no lo suficiente como para comprender una estructura natural, la vida, que resulta ser siempre más compleja que su entendimiento. Se tiende entonces un palió de incertidumbre, no referido solamente a la comprensión final de la vida, sino también de orden moral, al referirse a la manipulación de la vida misma, que, extrapolada al extremo, tiene que ver con su perduración.

Cuando Henri Braconnot en 1820 hidrolizaba gelatina en pos de la comprensión de la estructura de los seres vivos, rompiendo 1500 años de olvido en los que no se hizo casi nada en este campo, seguramente no anticipaba que en unas cuantas décadas del siglo siguiente, se llegaría a un nivel de conocimiento que obligaría a repensar el papel de la ciencia y el sentido de la vida misma.

Referencias

1. Asimov, I. *Nueva guía de la ciencia*. Plaza & Janes Editores SA, 1985, pp. 508
2. Brown, T. L., H. E. Le May, Jr. and B. E. Bursten. *Chemistry. The Central Science*. Prentice Hall, séptima edición, 1997, pp. 956.
3. Campbell, N.A, "Biology". The Benjamin/Cummins Publishing Company, Inc., segunda edición, pp. 265, 2007.
4. Chang, R. *Química*. McGraw Hill, novena edición, 2007, pp. 1045.