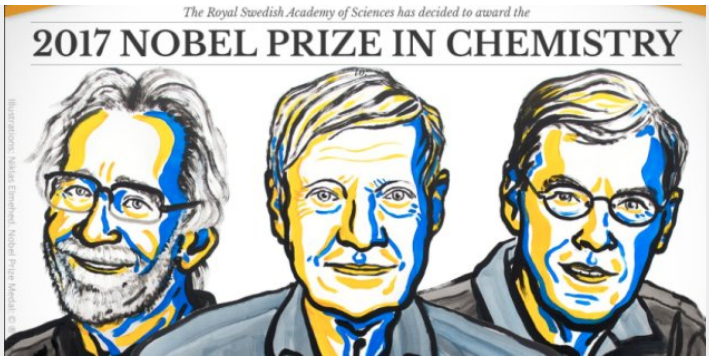
PREMIO NOBEL DE QUÍMICA 2017

Posted on 4 octubre, 2017 by Rosendo Pérez Isidoro



Category: Ciencia

Jacques Dubochet, Joachim Frank y Richard Henderson son los acreedores del Premio Nobel de Química 2017 por el desarrollo de la microscopía que permite obtener imágenes de estructuras de moléculas biológicas con alta resolución.

> *"Una imagen dice más que mil palabras"*

"Una imagen dice más que mil palabras" pregona el dicho popular, pero obtener imágenes de la maquinaria molecular de la química de la vida, es todo un reto. Este reto ha sido superado por la aportación de los tres galardonados que comparten tal reconocimiento científico. Ellos lograron desarrollar la crio-microscopía electrónica (cryo-EM, por sus siglas en inglés), una tecnología que ha permitido introducir la bioquímica a otro nivel. Previo al desarrollo de la cryo-EM, las biomoléculas como las proteínas eran conocidas por sus preponderantes funciones en los seres vivos, pero no se tenían detalles de sus estructuras moleculares. Las técnicas espectroscópicas como la resonancia magnética nuclear (RMN) y la cristalografía de Rayos x, que eran la base de la información estructural de las moléculas, presentan limitaciones fundamentales. Para proteínas en solución, la

RMN sólo puede aplicarse para aquellas de bajo peso molecular, mientras que la cristalografía de rayos X, requiere de la formación de cristales formados de moléculas altamente organizadas. En consecuencia, la información que se obtiene a través de estas técnicas revela muy poco de la dinámica de las proteínas en su medio natural. Por ejemplo, la bacteriorodopsina, que es una proteína que se encuentra embebida en la membrana de algunas células, cuando es retirada de su medio se pierde la forma en la que se encuentra en la membrana y se dificulta obtener detalles de su estructura funcional. Para superar esta limitante, Henderson y su equipo observaron que al colocar la bacteriorodopsina rodeada de membrana, ésta conservaba su estructura. Para protegerla de la deshidratación por vacío, colocaron solución de glucosa. Las primeras imágenes que obtuvieron de dicha proteína alcanzaron una resolución de 7 Angstrom (0.0000007 mm). Sin embargo, poco a poco Henderson fue agregando más detalles a su modelo de bacteriorodopsina y en 1990 presentó su estructura con resolución atómica. Por otro lado, Frank hizo posible generalizar la obtención de imágenes de proteínas aleatoriamente distribuidas en su medio natural. Él desarrolló un método matemático que permite localizar patrones en una imagen y a partir de trazos en 2D hizo posible la reconstrucción de imágenes en 3D. Este método de procesamiento de análisis fue crucial para potenciar la resolución de la Cryo-EM.

> *Las biomoléculas en su medio natural están inmersas en un medio acuoso.*

Las biomoléculas en su medio natural están inmersas en un medio acuoso. Bajo estas condiciones, el método protector a base de glucosa no funciona. Para resolver este problema, Dubochet hizo vidrio a partir de agua. Congeló el agua tan rápidamente que en lugar de formar cristales formó una película vítrea, con capacidad de formar un fondo uniforme que no se consigue cuando se tienen cristales de hielo. Dubochet publicó sus primeras imágenes en 1984, mostrando virus de forma hexagonal haciendo uso de esta tecnología.

Fue así como se juntaron las piezas necesarias para la cryo-EM, y hacer posible la obtención de imágenes moleculares con alta resolución que hoy en día hace posible explorar casi cada sitio escondido de las células. C^2