



Año 9, núm. 36,  
enero-febrero de 2019

# spinor

Dos facetas, información y divulgación  
un solo objetivo, comunicar



## Biofísica Molecular











# spinor

Dos facetas, información y divulgación  
un solo objetivo, comunicar

Revista de la Vicerrectoría de Investigación  
y Estudios de Posgrado

**Dr. José Alfonso Esparza Ortiz**  
Rector

**Dr. José Jaime Vázquez López**  
Secretario General

**D. C. Ygnacio Martínez Laguna**  
Vicerrector de Investigación y Estudios de Posgrado

**Dra. Ma. Verónica del Rosario  
Hernández Huesca**  
Directora General de Estudios de Posgrado

**Dr. José Ramón Eguibar Cuenca**  
Director General de Investigación

**Dr. José Eduardo Espinosa Rosales**  
Director General de Divulgación Científica

## Investigación y revisión:

David Chávez Huerta  
Heccari Bello Martínez  
Laura I. Álvarez González  
Ma. de Lourdes Hernández Chávez

## Dirección de la revista:

Dr. José Eduardo Espinosa Rosales

## Consejo Editorial:

Dr. Jaime Cid Monjaraz, Dr. Miguel Ángel León Chávez,  
Dra. Ma. de Lourdes Herrera Feria, Dr. Guillermo  
Muñoz Zurita, Dr. Efraín Rubio Rosas, Dr. Oscar  
Martínez Bravo, Dra. Olga Félix Beltrán

*SPINOR*, Año 9, núm. 36, enero-febrero de 2019, es una publicación bimestral editada por la Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, con domicilio en 4 sur 104, Col. Centro, C.P. 72000, Puebla Pue., y distribuida a través de la Dirección de Divulgación Científica de la VIEP, con domicilio en 4 sur 303, Col. Centro, C.P. 72000, Puebla Pue., Tel. (52) (222) 2295500 ext. 5729, [www.viep.buap.mx](http://www.viep.buap.mx), [revistaspinor@gmail.com](mailto:revistaspinor@gmail.com), Editor Responsable Dr. José Eduardo Espinosa Rosales, [espinosa@fcfm.buap.mx](mailto:espinosa@fcfm.buap.mx). Reserva de Derechos al uso exclusivo 04-2017-062916010700-102. ISSN: (en trámite), ambos otorgados por el Instituto Nacional del Derecho de Autor. Con Número de Certificado de Licitud de Título y Contenido: (16523), otorgado por la Comisión Calificadora de Publicaciones y Revistas Ilustradas de la Secretaría de Gobernación. Impresa en EL ERRANTE EDITOR S.A. DE C.V., Privada Emiliano Zapata No. 5947, Col. San Baltasar Campeche, Puebla, Pue. C.P. 72590, Tel. (222) 4047360, este número se terminó de imprimir en noviembre de 2017 con un tiraje de 3000 ejemplares. Costo del Ejemplar Gratuito

Las opiniones expresadas por los autores no necesariamente reflejan la postura del editor de la publicación.

Queda estrictamente prohibida la reproducción total o parcial de los contenidos e imágenes de la publicación sin previa autorización de la Benemérita Universidad Autónoma de Puebla.

Debido a los daños ocasionados en nuestras instalaciones por el sismo de 2017, la publicación de esta revista se vio afectada con algunos retrasos. Por tal motivo, hacemos de su conocimiento que, además de actualizar la fecha y año de publicación de nuestros números, estaremos trabajando para normalizar en adelante la aparición del *Spinor*.

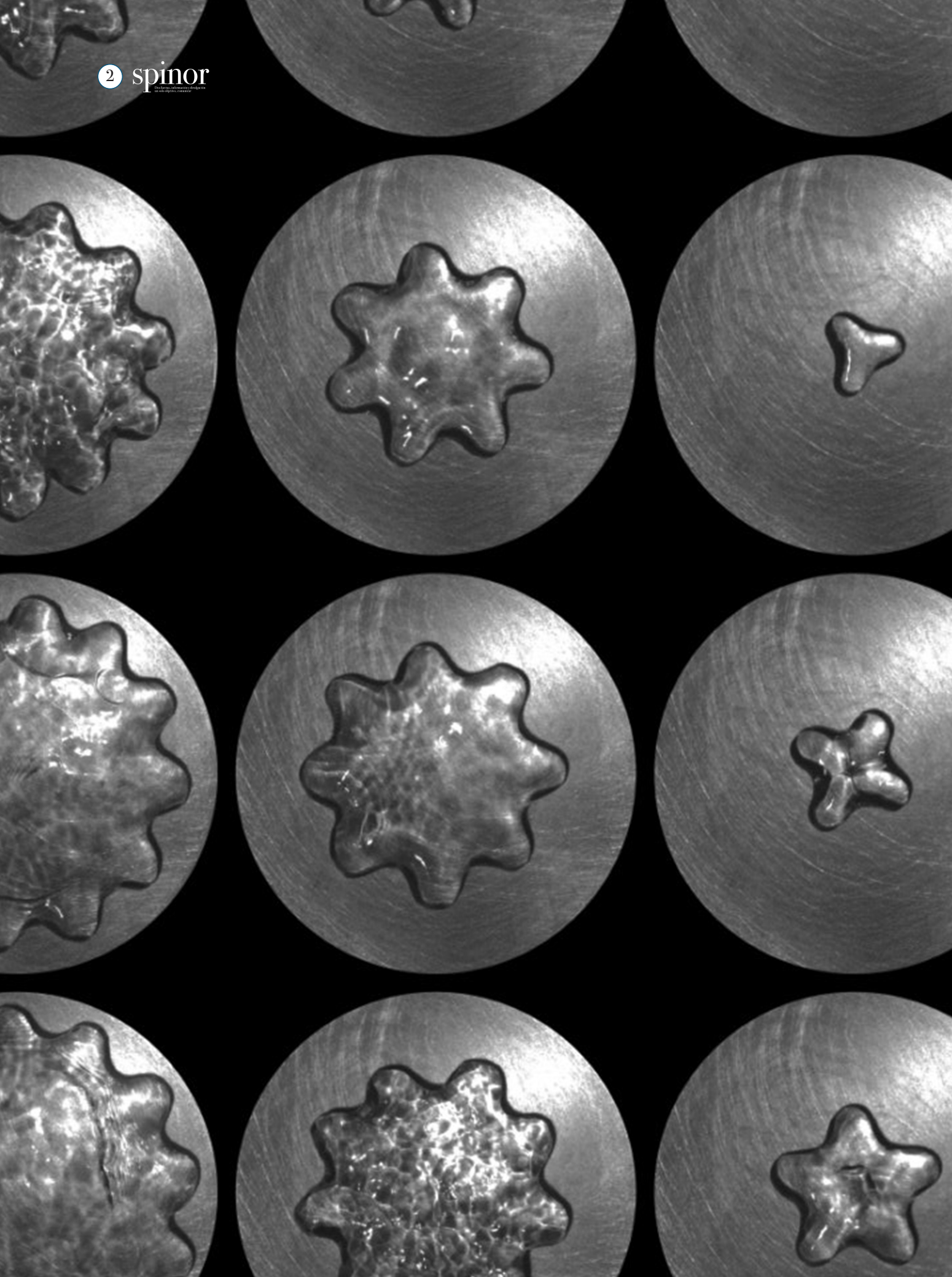
Deseamos para todos ustedes que tengan un feliz 2019



# Editorial

La Biofísica es un campo multidisciplinario que aplica los principios y leyes de la física para explicar la estructura biológica y función de los organismos vivos a diferentes niveles. De acuerdo con la Unión Internacional para la Biofísica Pura y Aplicada (de sus siglas en inglés IUPAB) la biofísica se divide en tres áreas: Biofísica Molecular, Biofísica Celular y Biofísica de los Sistemas Complejos; la primera se ocupa de los sistemas biológicos a nivel molecular y es en esta área que dedicamos este número de *Spinor*. Los sistemas con los que trata la Biofísica Molecular van desde las moléculas de la herencia, los ácidos nucleicos, las proteínas, que pueden constituir el soporte estructural de células y organismos; el transporte en células como los motores moleculares o bien proteínas teniendo función catalítica; además incluye los ligandos como las metilxantinas o antioxidantes, entre algunos de ellos. Este número fue preparado como iniciativa de los estudiantes de posgrado en Física Aplicada de la FCFM que participan en el seminario de investigación del Cuerpo Académico de Biofísica y Mecánica Estadística. Los artículos que aquí se incluyen forman parte de sus investigaciones y sus proyectos de tesis.

Referente a las moléculas de la herencia se discute la viabilidad de la estructura de la doble hélice del ADN y su polimorfismo. En otros artículos se habla de los ligandos que usualmente son moléculas pequeñas que forman un complejo con una biomolécula, como la quercetina que envía una señal al unirse al centro activo de la proteína llamada IRE1-RNasa, o bien, como la cafeína que interacciona con los receptores de adenosina, compitiendo antagónicamente con el ATP para influir en el sistema nervioso central. Otro tipo de proteínas que se discute tiene la función de transportar, como la cinesina que son motores moleculares capaces de transformar energía química en trabajo y tener movilidad para transportar dentro de la célula. Otro artículo trata de los sistemas coloidales que son encontrados también en organismos vivos como la sangre, para entender y después poder influir en estos sistemas es preciso su descripción y la implementación de métodos para manipular estas partículas. También se incorpora un estudio de las dinámicas del efecto Leidenfrost que describe el comportamiento de gotas de agua sobre una superficie sólida a temperatura por encima del punto de ebullición del líquido, generando que las gotas leviten sobre una capa de vapor.





# Efecto Leidenfrost en la naturaleza

Yesica Escobar Ortega, José Noe Felipe Herrera Pacheco y Felipe Pacheco Vázquez

Un acto tan simple como hervir agua involucra una gran diversidad de fenómenos que en muchas ocasiones no percibimos. Cuando una gota de agua se coloca sobre una superficie que se ha calentado desde la parte inferior, las moléculas de aire dentro de la gota emergen formando burbujas de aire que crecen gradualmente hasta llegar a la superficie y formar erupciones. La formación de burbujas de aire es una señal de que el agua se está calentando, pero aún no involucra el fenómeno de ebullición. El agua que está en contacto con la atmósfera hierve a una temperatura de aproximadamente 100 °C al nivel del mar. Cuando las gotas de agua son depositadas sobre una superficie sólida, cuya temperatura está muy por encima del punto de ebullición del líquido en cuestión, en la interface se genera súbitamente una capa de vapor sobre la cual levitan las gotas; la ausencia del contacto sólido-líquido genera una gran movilidad de la gota que levita (fig. 1). Las primeras observaciones de este fenómeno fueron reportadas por Herman Boerhaave en 1732. Sin embargo, el efecto fue descrito en términos científicos por Leidenfrost en 1756 [1].

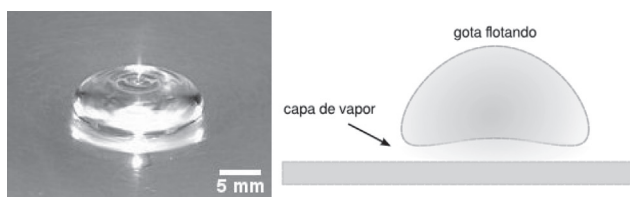
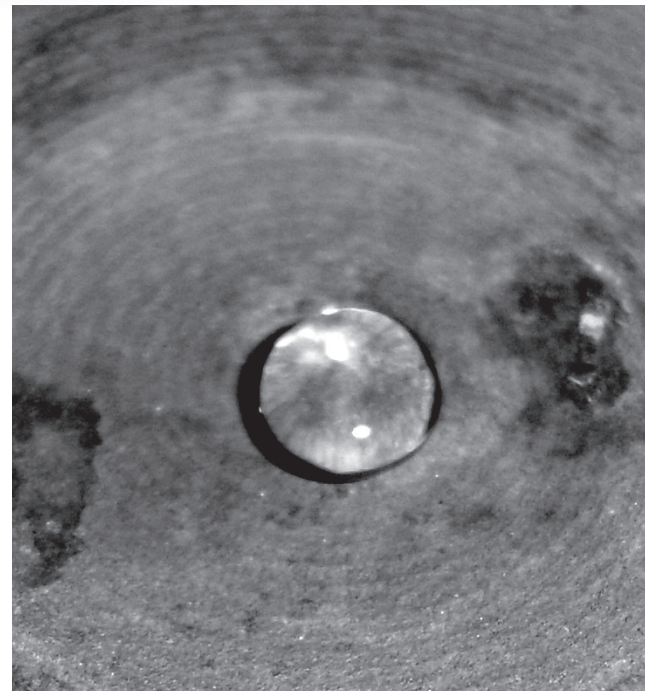


Figura 1: Gota de agua colocada sobre una superficie de aluminio a 300°C, imagen tomada en Laboratorio GrainsLab del IFUAP.

» El confinamiento generado por la simetría cónica permite mantener volúmenes considerables de líquido en levitación, en relación a la vasta cantidad de experimentos reportados en la literatura con pequeños volúmenes.



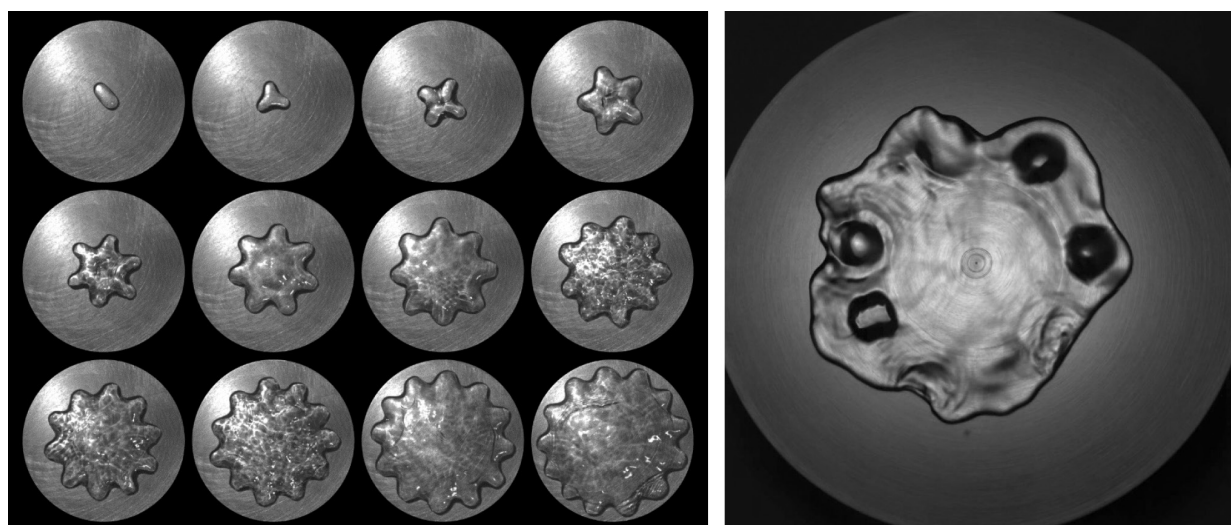


Figura 2: a) Gotas en estado Leidenfrost formando patrones oscilatorios [5]. b) Vista superior de una gota en estado Leidenfrost, imagen tomada en Laboratorio GrainsLab del IFUAP.

En la literatura hay numerosos estudios acerca de la dinámica de fenómenos que se enfocan en distintas particularidades del efecto Leidenfrost, tales como: temperatura de transición [2,3], tiempo de vida de la gota como función de la temperatura del sustrato [4], forma y estabilidad de las gotas Leidenfrost [4], generación de modos oscilatorios [5] y la aparición de “chimeneas” cuando la gota excede un tamaño crítico (fig. 2a y 2b).

En nuestro trabajo de investigación [6] estudiamos las dinámicas generadas durante el efecto Leidenfrost al sustituir sustratos planos por sustratos cónicos; dicha investigación permitió determinar la temperatura a la cual se presenta el fenómeno Leidenfrost, el efecto de confinamiento en la dinámica de evaporación, forma geométrica de la gota en estado Leidenfrost, así como la construcción de un diagrama de fases como función del volumen y el ángulo del sustrato cónico [7]. El confinamiento generado por la simetría cónica permite mantener volúmenes considerables de líquido en levitación, en relación a la vasta cantidad de experimentos reportados en la literatura con pequeños volúmenes. En la figura 3, se muestra una de las contribuciones más sobresalientes de nuestro trabajo.

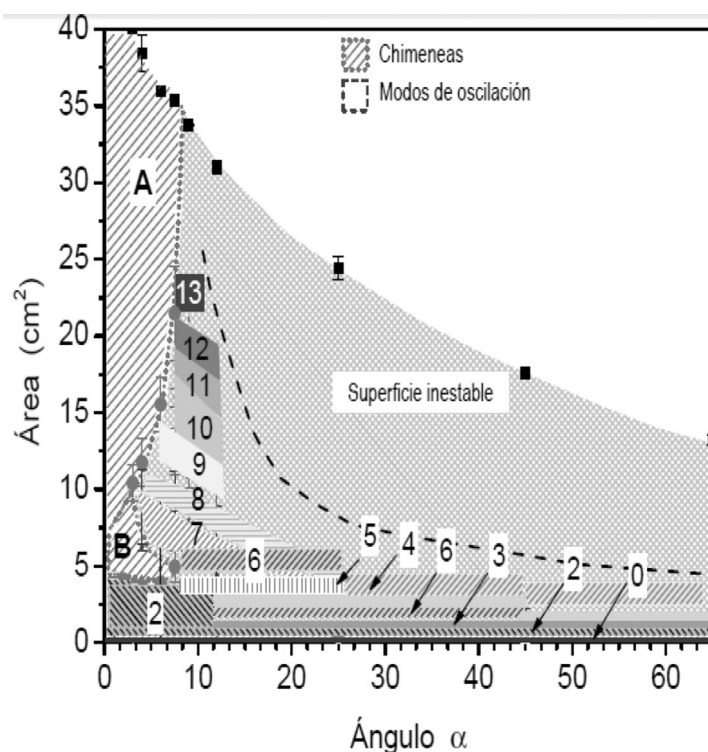
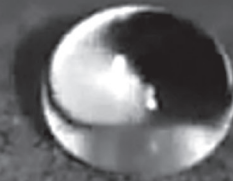


Figura 3: Diagrama de fases para gotas Leidenfrost en sustratos cónicos.

En este diagrama de fases se muestran las siguientes regiones: presencia de chimeneas en un volumen grande y ángulos pequeños, superficie inestable en un volumen grande y ángulos grandes, presencia de modos oscilatorios a diferentes volúmenes y ángulos.





## Conclusiones

El principio de funcionamiento del efecto Leidenfrost es de gran importancia ya que podría llevarse a aplicaciones como sistemas de refrigeración o condensadores, donde es necesario mantener una temperatura fija y evitar sobrecalentamientos. Seguramente lo has observado cuando dejas caer gotas sobre una plancha o un sartén caliente. En nuestra investigación, encontramos que superficies cónicas permiten obtener gotas estables gigantes levitando sobre su propio vapor. Tantas dinámicas requieren modelos físicos que permitan entenderlos y predecir su comportamiento, el fenómeno Leidenfrost envuelve muchos misterios y seguimos trabajando en ello.

## Referencias

- [1] Curzon FL. The Leidenfrost phenomenon, *Am. J. Phys.* 46, 825-28, 1978.
- [2] Quéré D. *Leidenfrost Dynamics*, *Annu. Rev. Fluid Mech.* 45, 197-215, 2013.
- [3] Gottfried BS, Lee CJ, Bell KJ. Leidenfrost phenomenon: film boiling of liquid droplets on a flat plate, *Int. J. Heat Mass Transf.* 9, 1167-72, 1966.
- [4] Biance AL, Clanet C, Quéré D. Leidenfrost drops, *Phys. Fluids.* 15, 1632-37, 2003.
- [5] Xiaolei M, Lietor JJ, Burton JC. The many faces of a Leidenfrost drop, *Physics of Fluids*, 27, 091109, 2015.
- [6] Escobar-Ortega Y. *Efecto Leidenfrost en superficies cónicas*, Tesis de maestría, BUAP, 2016.
- [7] Hidalgo-Caballero S, Escobar-Ortega Y, Pacheco-Vázquez F. *Leidenfrost phenomenon on conical surfaces*, *Phys. Rev. Fluids*, 1, 051902(R), 2016.







# Flavonoides

Veranda Palacios Corte, Alexandra Deriabina y Eduardo González Jiménez

**A** principios de los años 90 del siglo pasado surgió un marcado interés en la dieta mediterránea. En los países donde la consumen regularmente se observó una disminución considerable de las enfermedades del corazón, así como la reducción de las enfermedades oncológicas junto con otros efectos benéficos interesantes. Muchos investigadores consideran que una parte sustancial de estos efectos se debe a la presencia de los compuestos polifenólicos, en especial de los flavonoides encontrados dentro de las frutas, el aceite de olivo y en particular el vino tinto, que forman parte esencial de la dieta mediterránea. Esto también se ve relacionado con la “paradoja francesa” en la cual, a pesar del alto consumo de alimentos con grasas saturadas, es baja la incidencia en enfermedades cardíacas respecto a países con menor consumo.

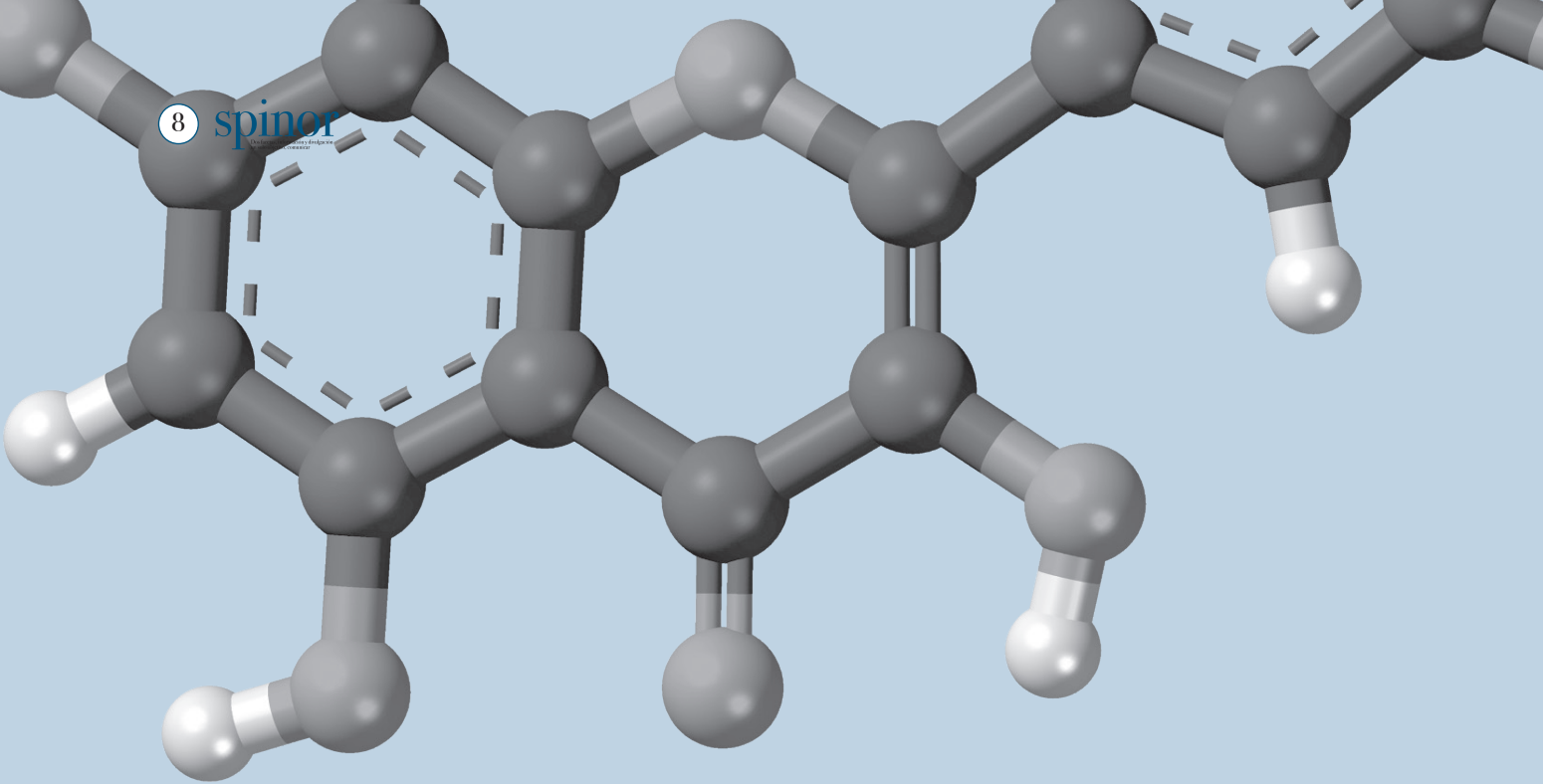
¿Que son los flavonoides? Son productos secundarios del metabolismo de las plantas, pero por ser secundarios no dejan de ser importantes, ya que participan no sólo en la pigmentación de las plantas, y en muchos casos determinan el color de las flores, sino también juegan un papel importante en la transmisión de las señales dentro de las células y en los procesos genéticos y reproductivos de las plantas. Uno de los trabajos más importantes que realizan los flavonoides dentro de las plantas es la protección contra los factores amenazantes del medio ambiente, como son la luz ultravioleta, los cambios bruscos de temperatura y las concentraciones de los metales pesados. También, participan como parte de la defensa de las plantas contra las infecciones, los parásitos y hasta contra los insectos. Y claramente, una de las principales acciones defensivas es contra los radicales libres y el estrés oxidativo, gracias a sus acciones antioxidantes.

El nombre de los flavonoides proviene del latín *flavus* que significa amarillo. Fueron descubiertos en 1930 por Sent György (ganador del premio Nobel en Medicina) cuando aisló una sustancia de la cascara del limón; la citrina. Ésta se hace presente en



» El nombre de los flavonoides proviene del latín *flavus* que significa amarillo. Fueron descubiertos en 1930 por Sent György (ganador del premio Nobel en Medicina) cuando aisló una sustancia de la cascara del limón; la citrina.





las arterias y en los vasos capilares, y se encarga de regular su permeabilidad.

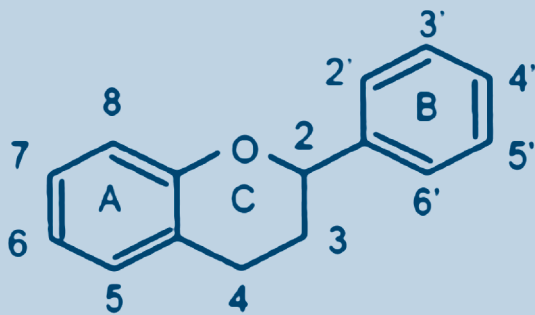


Fig. 1 Estructura base de los flavonoides

La estructura base, común de los flavonoides, son dos anillos bencénicos y un anillo de pirona (fig. 1), a los cuales se les pueden unir grupos hidroxilos ( $\text{OH}$ ) o algún otro grupo funcional (azúcares entre otros). La variedad de los flavonoides es enorme, hasta ahora se han descubierto más de ocho mil sustancias. El 20% de todo el carbón que se absorbe por las plantas durante la fotosíntesis se utiliza para la síntesis de los flavonoides. En los organismos de los animales y humanos los flavonoides no se sintetizan, así que únicamente pueden llegar al organismo al ser consumidos en frutas o verduras. La pregunta de cómo influyen los flavonoides al organismo sigue abierta. El interés hacia los flavonoides se debe no sólo a las posibles acciones favorables, sino también por la posibilidad de obtener de sus derivados posibles medicamentos. Algunos de

estos muestran mejor efectividad que los medicamentos conocidos, además de que tienen mucho menos toxicidad y efectos secundarios. Todo esto lleva al aumento significativo de los trabajos de estudio de los flavonoides, con más de 5000 publicaciones por año en los últimos tres años (fig. 2).

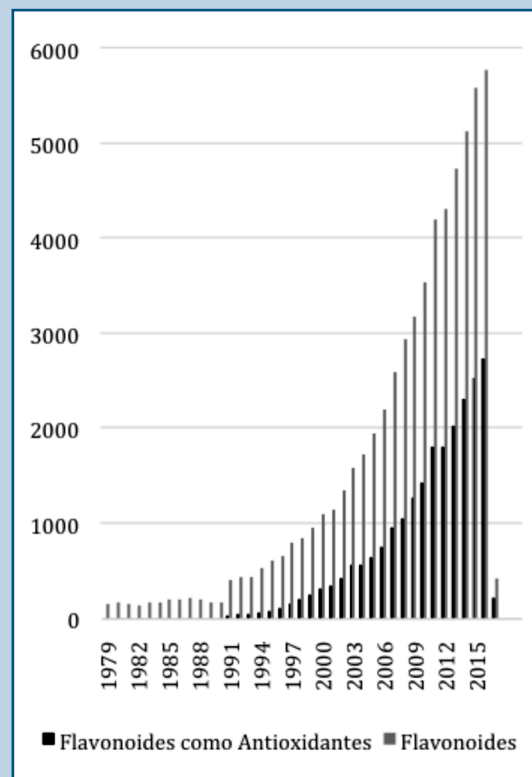


Fig. 2. Número de publicaciones sobre los flavonoides según los datos *WebOfKnowledge* (Thomson Reuters).



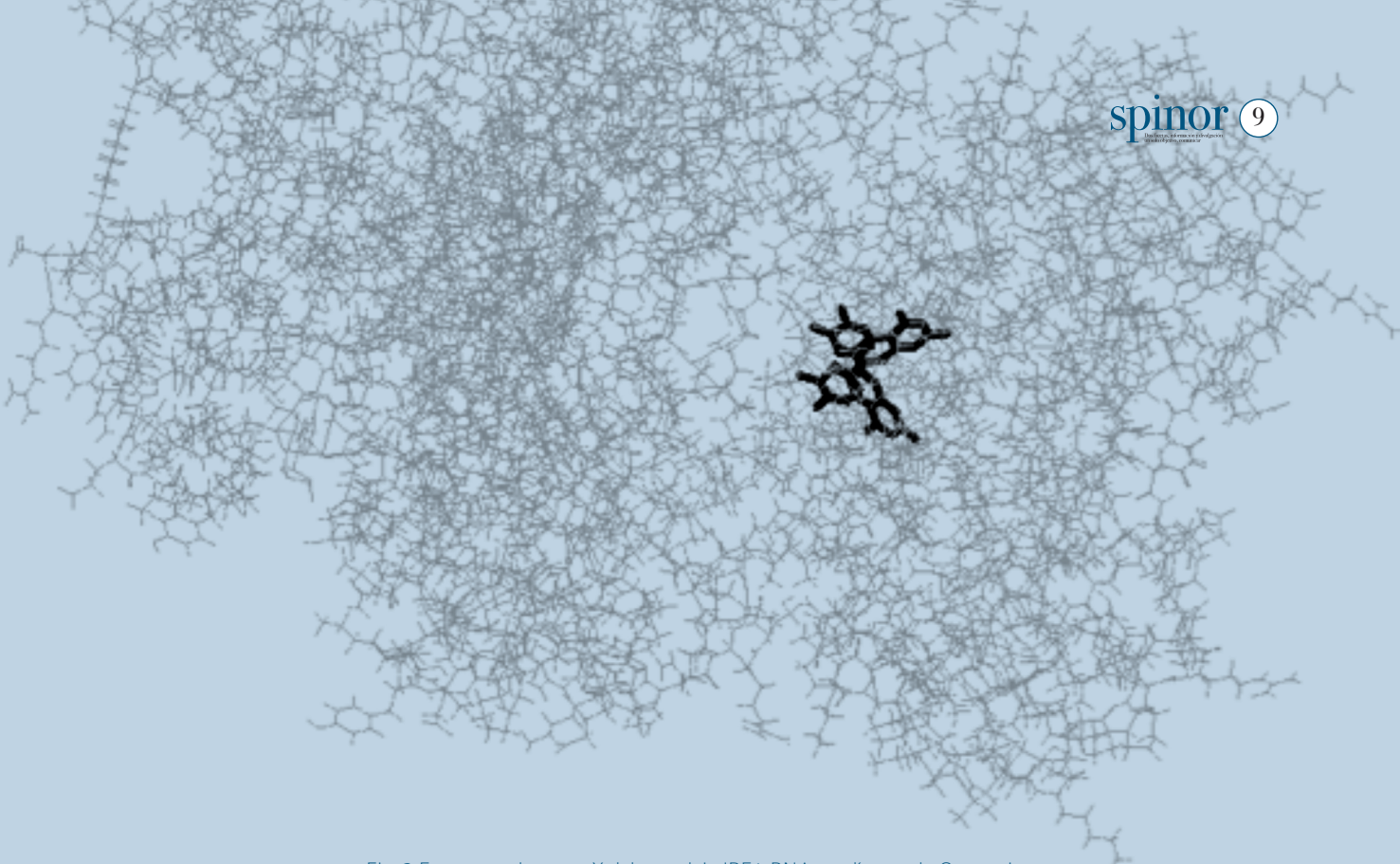


Fig. 3 Estructura de rayos X del complejo IRE1-RNAsa+ dímero de Quercetina

La mitad de estos se refiere al estudio de la actividad antioxidante de los flavonoides, pero también hay varios efectos que no se deben a estas propiedades antioxidantes, sino que se producen gracias a las interacciones directas de sus moléculas con las proteínas reguladoras dentro de la célula. Por ejemplo, la acción antiinflamatoria y anticancerígena de los flavonoides que está relacionada con su interacción con la proteína IRE1-RNAsa. En estudios experimentales [1] se muestran evidencias, de que la presencia de la quercetina (Q) activa dicha proteína y es responsable de la regulación del plegamiento de proteínas y el desencadenamiento de la acción autofágica en caso del funcionamiento anómalo de la célula, realizando esta acción más rápido que su ligando natural adenosina difosfato (ADP), y cuando ambas, Q y ADP están presentes, la activación se hace casi instantánea.

En la estructura de rayos X, del complejo IRE1-RNAsa+ADP+Q, se muestra la forma activa de IRE1-RNAsa como un dímero, el cual está unido y estabilizado por dos moléculas de quercetina (fig. 3). El estudio de tales interacciones y del mecanismo de acción de Q sólo se podrá entender estudiando este sistema grande a nivel molecular, para esto es necesario aplicar los métodos de biofísica molecular. Para las moléculas relativamente pequeñas (hasta 100 átomos) es posible

» El 20% de todo el carbón que se absorbe por las plantas durante la fotosíntesis se utiliza para la síntesis de los flavonoides.

aplicar los métodos basados en la *teoría de la física cuántica* que consideran explícitamente la naturaleza cuántica de los electrones y núcleos de los átomos. A partir de estos se pueden determinar las propiedades de reactividad de los flavonoides que relacionan la estructura con su actividad. Los cálculos cuánticos de las moléculas de los flavonoides separadas proporcionan los datos estructurales que se pueden utilizar para parametrizar los campos de fuerza de mecánica molecular. Estos son aplicables a los sistemas grandes con un número de los átomos que van de  $10^3$  hasta  $10^4$ . Estos campos de fuerza refinados, especialmente para las moléculas de los flavonoides están siendo utilizados en el estudio de la proteína IRE1-RNAsa con el dímero de quercetina.

## Bibliografía

1. R. L. Wiseman *et al.*, "Flavonol Activation Defines an Unanticipated Ligand-Binding Site in the Kinase-RNase Domain of IRE1," *Molecular Cell*, vol. 38, no. 2, pp. 291-304, Apr. 2010.





NH438792UX-278

0 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10  
15 17 18 20 21 22 23 24 25 26

8 7 6 5 4 3 2 1



# La viabilidad de la estructura de la molécula de la vida: el ADN

Verónica Domínguez-Benítez, Andrea Ruíz-Millán y Eusebio Vázquez-Pérez.

**E**l ADN, un *biopolímero* cuya estructura molecular fue seleccionada por la evolución durante millones de años, es la molécula más importante para la vida. En esta se encuentran todas las instrucciones genéticas necesarias para realizar las funciones de cualquier ser vivo; en las últimas décadas se han estado estudiando las características estructurales de dicha molécula para comprender su funcionamiento y mecanismos de regulación.

A pesar de la gran importancia del ADN, su estructura molecular es relativamente sencilla: consta de una secuencia de monómeros llamados *nucleótidos* —donde cada uno se compone de una base nitrogenada, un azúcar desoxirribosa y un grupo fosfato— que pueden ser de cuatro tipos, la diferencia entre ellos es la base nitrogenada que los conforma (*purinas*: adenina, A, y guanina, G; *pirimidinas*: timina, T, y citosina, C), con las cuales se puede escribir toda la información genética. Cada secuencia de tres nucleótidos constituye una palabra del *código genético* o *codón*, que especifica un aminoácido determinado.

Fue en 1953 cuando Watson y Crick pudieron descifrar y construir un modelo de la doble hélice del ADN con cadenas antiparalelas y pares de bases complementarias [1]. Además de este modelo, la estructura molecular del ADN provee la formación de una serie de otras estructuras espaciales necesarias para su funcionamiento; de importancia para la herencia.

La construcción del modelo de la doble hélice del ADN hecho por Watson y Crick atrajo la atención de investigadores matemáticos, físicos y biólogos, iniciándose así un intenso desarrollo de la biofísica molecular. El creciente interés por investigar los problemas genéticos a nivel molecular tiene como punto de partida el estudio de la estructura y la dinámica de los ácidos nucleicos.

» No es posible observar directamente en las células los detalles estructurales del ADN, no obstante, cristales de ADN sintetizado presentan varias de las características que tiene éste en complejos con proteínas.



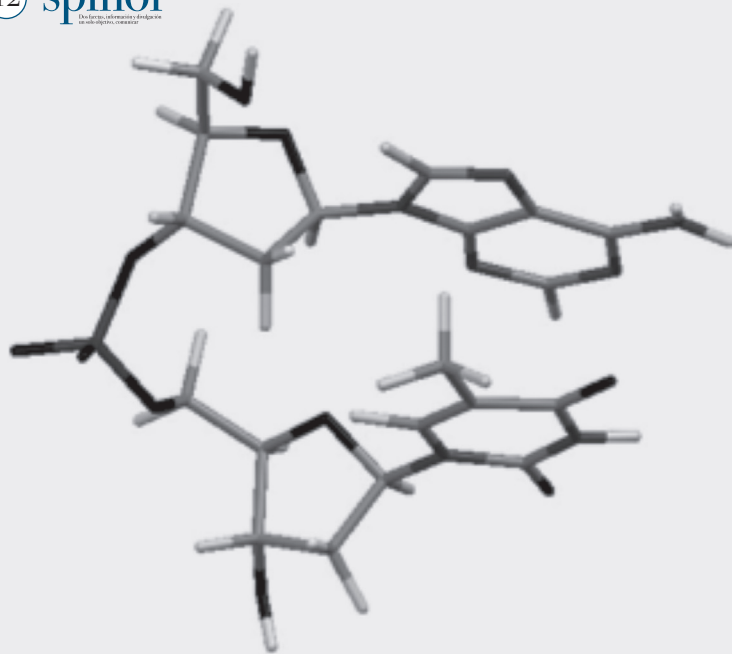


Figura 1. Desoxidinucleósido monofosfato (2 nucleósidos unidos por un grupo fosfato, donde un nucleósido se conforma por una base nitrogenada enlazada al azúcar desoxirribosa), con un Na<sup>+</sup>.

Dependiendo de las diferentes características estructurales del ADN se tienen tres grandes grupos conformacionales: familias B y A (del modelo de Watson y Crick), y familia Z (por su forma zigzagueada).

No es posible observar directamente en las células los detalles estructurales del ADN, no obstante, cristales de ADN sintetizado presentan varias de las características que tiene éste en complejos con proteínas. Mediante la difracción de rayos X en cristales de fragmentos de ADN es posible obtener las coordenadas de los átomos que forman dichos fragmentos y, de este modo, visualizar estructuras de dobles hélices de ADN. Sin embargo, para comprender más profundamente la dinámica de los ácidos nucleicos, son necesarios estudios más detallados, es por ello que se recurre a los cálculos con métodos de la mecánica cuántica (MC) y de la mecánica molecular (MM), para realizar optimizaciones de dichas estructuras y hacer un estudio más detallado de éstas.

Las coordenadas obtenidas de los cristales de fragmentos de proteínas y ácidos nucleicos se encuentran principalmente en dos bases de datos donde se depositan las estructuras tridimensionales de las moléculas biológicas: *Protein Data Bank* y *Nucleic Acid Data Bank* [2,3]. Los datos generalmente son obtenidos mediante la difracción de rayos X, espectroscopia NMR o microscopía electrónica (esta última empleada cada vez más). Dichos bancos de datos son usados por biofísicos, biólogos y bioquímicos de todo el mundo, ya que tienen un acceso libre a internet a través de los sitios web de sus organizaciones.

El análisis y comparación de las características geométricas y energéticas de las estructuras de ADN tomadas de los bancos de datos (en calidad de estructuras iniciales) y de las estructuras ya optimizadas, mediante los diferentes métodos computacionales (utilizando los recursos de cómputo del laboratorio de Superconjunto de la BUAP), han permitido sacar conclusiones sobre las regularidades generales de la estructura y su relación con su función biológica. Algunas características de las estructuras de fragmentos de ADN, obtenidas en investigaciones experimentales, prácticamente coinciden con las que se obtienen por diferentes métodos de optimización, sin embargo, otras difieren notablemente. Entender las razones de estas diferencias permitirá aproximarse a la construcción de los modelos de estructuras espaciales del ADN, más parecidas a los existentes en la célula viva.

Se han realizado estudios de estructuras, tomadas de los bancos de datos, pertenecientes al modelo de Watson y Crick (familias A y B), estructuras de la familia Z y estructuras con pares no correctos (pares que no son de Watson y Crick y que pueden originar mutaciones). Los resultados mostraron que una serie de características importantes de las espirales de Watson y Crick como son: el traslape de bases (como se eclipsan verticalmente las áreas de los anillos), los ángulos de torsión del esqueleto azúcar-fosfato y el empaquetamiento del anillo de la desoxirribosa, se predefinen por las interacciones en el fragmento mínimo de cadena simple de doble hélice (desoxidinucleósidos monofosfatos, figura 1, y sus complementarios, figura 2). Se en-



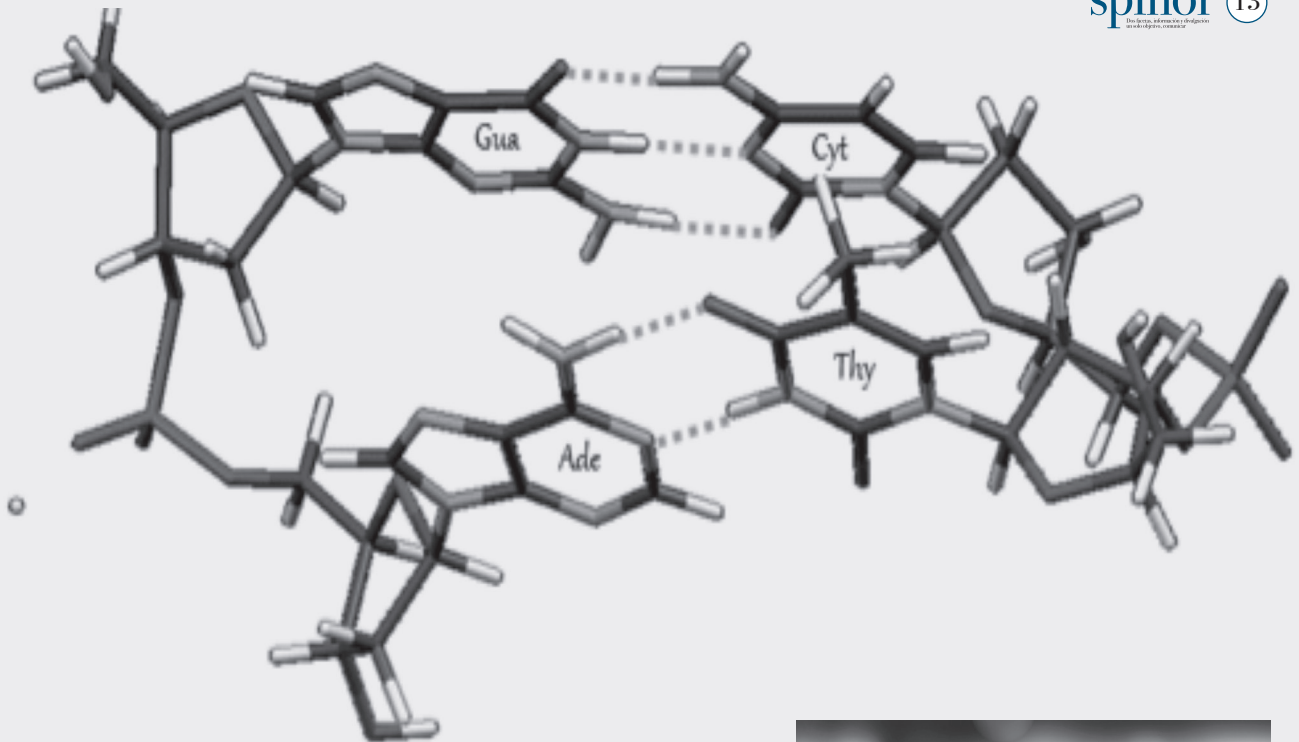


Figura 2. Desoxidinucléosidos monofosfatos complementarios (cdDMPS), neutralizados con Na<sup>+</sup>; con los pares de bases de Watson y Crick.

contró que para todas las posibles secuencias de nucleótidos (A-T, T-A, G-C, etc.) sus mínimos locales de energía se encuentran dentro de las cuatro familias conocidas de hélices derechas de Watson y Crick (BI, BII, AI y AII), y se confirma que la dependencia de la estructura espacial de dichas hélices sobre la secuencia de las bases también se predefine por las interacciones en el fragmento mínimo de la cadena simple [4].

Estas características son de gran importancia biológica. La existencia de tales mínimos locales es importante para la recuperación de la doble hélice después de su desenrollamiento parcial (por ejemplo, durante la replicación y transcripción o bajo la acción de los factores de medio ambiente) y durante la inclusión de nucleótidos en el proceso de biosíntesis de la nueva cadena. Estas generalizaciones nos permiten remarcar el rol importante y posiblemente definitivo de la estructura del esqueleto azúcar-fosfato en la formación de la doble hélice del ADN y en la dependencia de la estructura espacial sobre la secuencia de los nucleótidos.

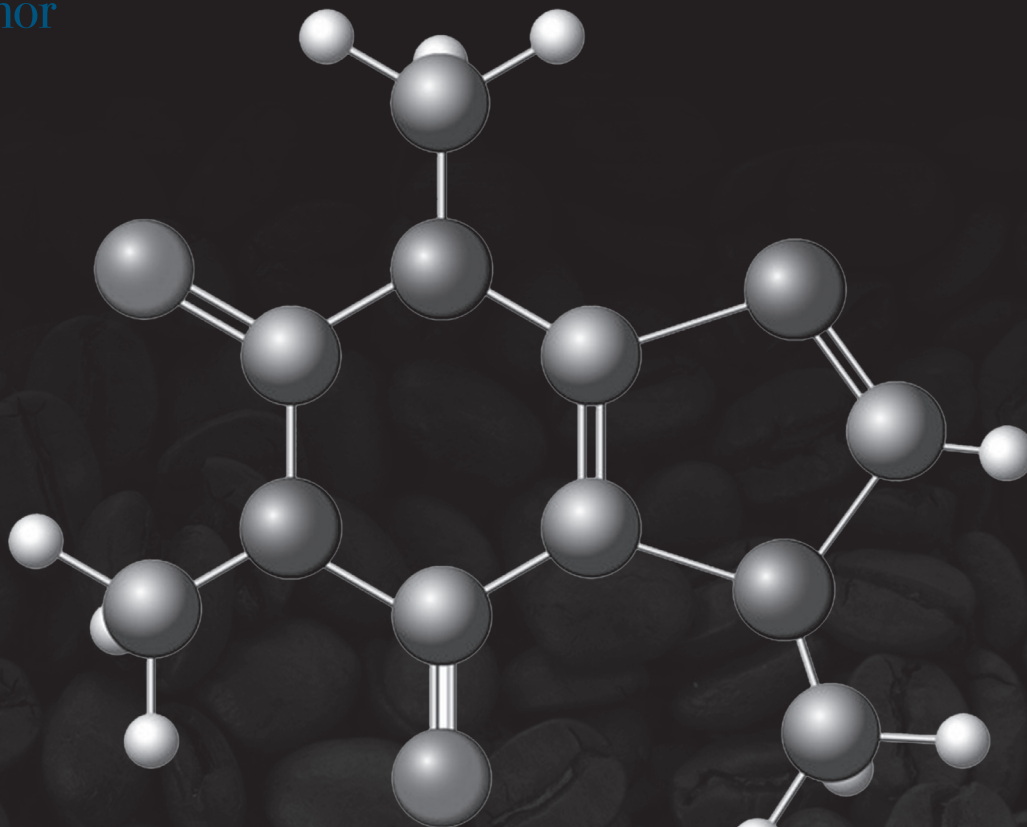
### Referencias

- [1]. Watson, J. D., & Crick, F. H. C. (1953). Molecular structure of nucleic acids: A structure for deoxyribose nucleic acid. *Nature*, 171(737-738), 3-12.
- [2]. RCSB PDB: <http://www.rcsb.org/pdb/home/home.do>
- [3]. Nucleic Acid Database: <http://ndbserver.rutgers.edu/>
- [4]. Poltev, V. y Col. (2014). The role of molecular structure of sugar-phosphate backbone and nucleic acid bases in the formation of single-stranded and double-stranded DNA structures. *Biopolymers*, 101(6), 640-650.



» No es posible observar directamente en las células los detalles estructurales del ADN, no obstante, cristales de ADN sintetizado presentan varias de las características que tiene éste en complejos con proteínas.





# Modelando la acción biológica de la cafeína

Ma. Patricia Sánchez Gutiérrez, Alexandra Deriabina y Eduardo González Jiménez

**L**a cafeína, teofilina y teobromina son alcaloides (metilxantinas) con estructura química y efectos similares. La cafeína es un sólido cristalino, blanco y de sabor amargo, que actúa como una droga psicoactiva levemente disociativa y estimulante, que fue descubierta en 1819 por el químico alemán Friedrich Ferdinand Runge, quien acuñó el término *koffein*: un compuesto químico del café, el cual pasaría posteriormente al español como cafeína.



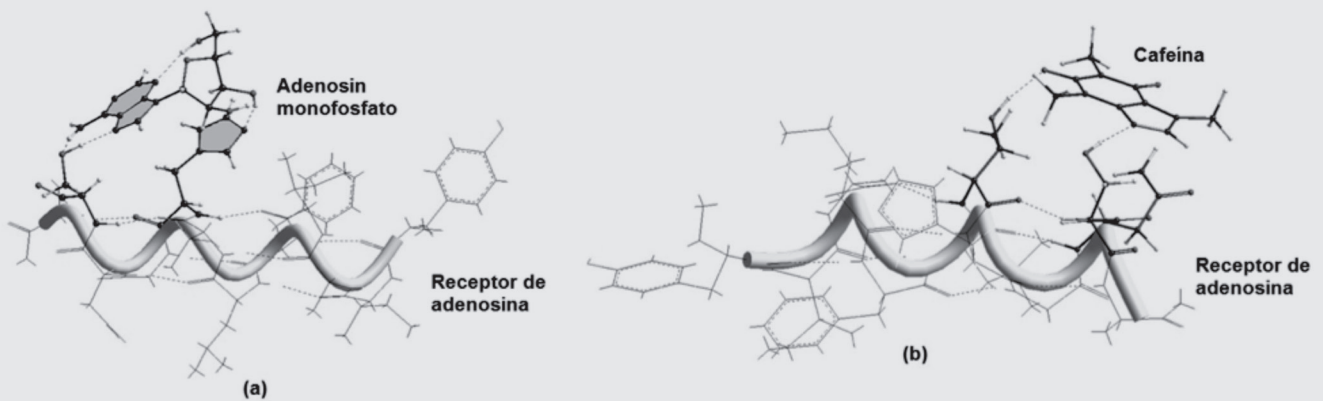


Fig. 1. Complejos de mínima energía entre (a) adenosina y (b) cafeína, ambas con el fragmento receptor de adenosina A1

Debido a que la cafeína está presente en las bebidas más populares como en el café, el té, las bebidas de cacao (en estas últimas teofilina y teobromina), además de estar presente en algunos medicamentos como aspirinas y supresores de apetito, es probablemente la sustancia psicoactiva conocida más consumida por el hombre y sin efectos secundarios negativos sustanciales o claramente documentados. En general, las propiedades psicostimulantes de la cafeína se deben a su capacidad para interactuar con la neurotransmisión en diferentes regiones del cerebro, promoviendo así funciones de comportamiento como la vigilia, el estado de ánimo y la excitación.

La cafeína y en menor grado las otras metilxantinas han sido sujeto de extensas investigaciones y estudios a nivel bioquímico, fisicoquímico, genético y médico que han conducido a determinar el impacto de la cafeína sobre los diversos procesos bioquímicos y psicológicos, pero, sobre los mecanismos de la acción a nivel molecular poco se ha investigado. Aunque el efecto principal de la cafeína es estimular el sistema nervioso, también acciona sobre muchos procesos biológicos sin provocar cambios inmediatos o fácilmente visibles. Por otro lado, en la literatura han sido bien fundamentadas indicaciones sobre la perspectiva del uso de la cafeína en la lucha contra las enfermedades oncológicas. Para la explicación de los mecanismos de acción de la cafeína, es importante investigar los mecanismos moleculares de su interacción con los ácidos nucleicos y proteínas. Aquí la pregunta es ¿cómo contribuye la física al estudio de estos mecanismos moleculares? Para esta tarea se emplean los métodos de la simulación computacional

utilizando la mecánica molecular y los cálculos de mecánica cuántica.

### Cafeína y proteínas

El blanco principal de las metilxantinas son los receptores de adenosina, estas son proteínas que interactúan con los neurotransmisores y con sistemas de transporte de adenosina, cuando la adenosina se libera, su efecto resulta en una reducción de la actividad neuronal y la consiguiente sensación de somnolencia, de esta forma, la adenosina facilita la entrada al sueño. En presencia de las metilxantinas, sobre todo con cafeína, la adenosina es incapaz de producir su efecto, lo que impide la sensación de somnolencia. Ha sido ampliamente aceptado que la cafeína presenta un comportamiento competitivo antagónico con la adenosina, la cual interactúa con los receptores A1 y A2a (cadenas de proteínas). Una simulación de mecánica molecular muestra que las interacciones de cafeína con diferentes dominios del receptor de adenosina son energéticamente equivalentes a la interacción de adenosina con los mismos receptores (fig.1).

Los resultados sugieren que la formación del complejo cafeína-receptor a través de enlaces de hidrógeno

Los cálculos de la energía de interacción de la molécula de cafeína con fragmentos del dúplex de ADN (secuencia GACATGTC) ha permitido encontrar complejos de mínimos de energía de la unión de cafeína con cada una de las bases en el dúplex [2].

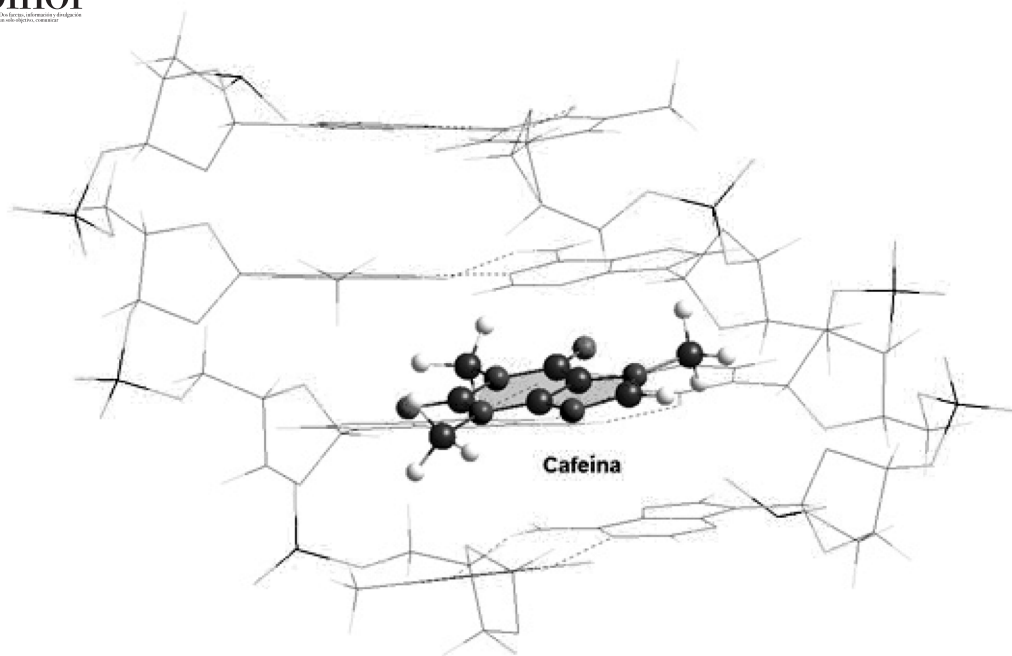


Fig 2. Complejos de mínima energía entre el tetrámero d(CATG) con cafeína

entre los centros aceptores de cafeína y los fragmentos del receptor es la razón de la acción de la cafeína en el sistema nervioso [1]. La cafeína puede bloquear los grupos atómicos de los receptores de adenosina responsables de la unión con adenosina, a través de la formación de enlaces-H o simplemente ocultar estos grupos de las interacciones con la adenosina.

### Cafeína y ADN

Los cálculos de la energía de interacción de la molécula de cafeína con fragmentos del dúplex de ADN (secuencia GACATGTC) ha permitido encontrar complejos de mínimos de energía de la unión de cafeína con cada una de las bases en el dúplex [2]. En algunos mínimos de energía la molécula de cafeína forma dos enlaces de hidrógeno con dos pares del fragmento de ADN, situadas alternantes en la hendidura mayor de la doble hélice del ADN (fig. 2). Tales complejos son más favorables y en consecuencia la probabilidad de su formación debe ser mayor que la de los complejos con un enlace-H, junto con esto la probabilidad de su formación depende de la secuencia nucleotídica y los parámetros conformacionales del dúplex (forma A, B o alguna intermedia). Pero la intercalación de cafeína en el dúplex de ADN requiere un cambio sustancial de la estructura de la hélice lo que resulta en el debilitamiento del apilamiento de las bases, la intercalación de cafeína en ADN puede bloquear algún sitio de unión de importancia para los procesos genéticos, como

la unión de las polimerasas o de las drogas anticáncer (daunomicina o actinomicina D), dando como resultado la alteración del proceso.

Sin embargo, respecto a las implicaciones de estos estudios, aún hay un intenso debate y controversia sobre los impactos generales de la cafeína sobre el bienestar humano; puntos de vista que difieren sobre el beneficio del uso de la cafeína, cada uno de los cuales se sustenta con observaciones médicas, por ejemplo, existen reportes médicos que relacionan que el consumo de bebidas cafeinadas reducen el riesgo de muerte por daño cardiovascular en ancianos, así como aquellos que hacen advertencias del peligro de la utilización de la cafeína, afirmando que su acción es parecida a los narcóticos clásicos. No obstante, en otros han sido bien fundamentadas las indicaciones sobre la perspectiva del uso de la cafeína contra las enfermedades oncológicas o contra el Parkinson. Sin embargo, lo que queda claro es que aún falta investigar más sobre mecanismos moleculares de la interacción de cafeína con las biomoléculas.

### Referencias:

- [1] V. Poltev, E. Rodriguez, A. Deriabina, E. Gonzalez, N. Polteva. Computational study of possible complexes of caffeine and adenosine with adenosine receptor fragments, *Computational and Theoretical Chemistry*, V. 1043, 17–23, 2014
- [2] A. Deriabina, T. Grokhina, N. Polteva, E. González, V. Poltev. Study of mechanisms of some caffeine biological effects via computer simulation of its interactions with DNA fragments. *J. Mol. Struct. (THEOCHEM)* 769, N 1-3, 97-101, 2006



# Proteínas motoras

los vehículos de transporte de escalas microscópicas.

Ricardo Antonio Méndez Álvarez

**L**as células son uno de los elementos más pequeños dentro de los organismos biológicos que aún se pueden considerar como sistemas vivos. Son tan diminutas que sólo es posible apreciarlas a través de microscopios, sin embargo, su escala microscópica no es una limitante para las células, ya que son capaces de llevar a cabo una gran diversidad de tareas esenciales para el funcionamiento del cuerpo humano. En su interior son realmente asombrosas puesto que están constituidas por una gran diversidad de elementos que permiten su alta eficiencia, de manera que incluso pueden considerarse como *grandes ciudades* a escalas microscópicas.



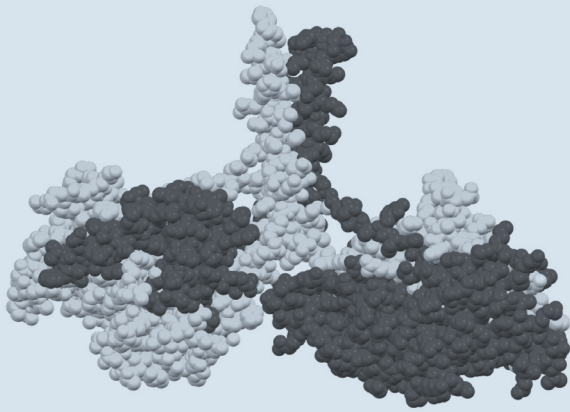


Figura 1. Se observan las dos cabezas globulares idénticas de la cinesina. Tomada de Protein Data Bank: <https://pdb101.rcsb.org/>

En este sentido, para que una ciudad funcione de manera correcta, es necesario que exista un sistema de transporte altamente eficiente, como lo son las calles de la ciudad que sirven para organizar y distribuir los diferentes medios de transporte, así como cuando tomamos un autobús para la escuela o el trabajo o cuando ocurre un incendio y el carro de bomberos necesita atravesar la ciudad lo más rápido posible, sin un conjunto de calles correctamente organizadas sería muy difícil llegar de un lado de la ciudad a otro en poco tiempo. De la misma forma, en el interior de las células existen pequeños vehículos encargados de este transporte, organismos llamados proteínas motoras, así como diminutos rieles conocidos como microtúbulos y filamentos de actina. Se denominan proteínas motoras porque son capaces de transformar la energía química en trabajo, estos pequeños motores tienen escalas de nanómetros y se encargan de transportar diferentes elementos vitales para el funcionamiento de la célula.

Existen diferentes tipos de proteínas motoras, entre ellas la cinesina que se encarga de llevar vesículas y organelos desde el centro de la célula hacia sus alrededores. Para llevar a cabo este transporte, la cinesina se desplaza a lo largo de los microtúbulos, los cuales son parte del citoesqueleto de la célula que se encarga de dar forma y estructura a la célula, y están distribuidos en todo el interior de la misma de manera radial, de forma que estos pueden ser considerados como las calles de esta microscópica ciudad, sobre los cuales la cinesina se desplaza para llevar a cabo su función de transporte.

Por otra parte, la cinesina es un dímero formado por dos complejos proteícos idénticos que se pueden dividir en tres secciones principales: las cabezas globulares, el tallo, y la cola. El dominio de la cola se encarga de unirse al paquete a entregar, como un par de pinzas que toman un objeto y no lo sueltan hasta llegar a su destino, el dominio del tallo se encarga de unir las cabezas globulares con la cola, y el dominio de las cabezas globulares se encarga de unirse al microtúbulo para desplazarse sobre él. Como cualquier motor, la cinesina también tiene su propio combustible que le suministra energía para transportar los paquetes a entregar, el cual es la molécula de ATP, la moneda energética universal en el mundo biológico, de forma que cada cabeza se une dando *pasos* a lo largo del microtúbulo asemejando a un bípedo que va alternando sus pies en forma de caminata para transportar los elementos vitales desde el interior de la célula hacia sus alrededores. ¿Se imaginan? En este mismo momento, millones de pequeños caminantes se desplazan en nuestro interior transportando elementos importantes para el correcto funcionamiento de nuestro cuerpo.

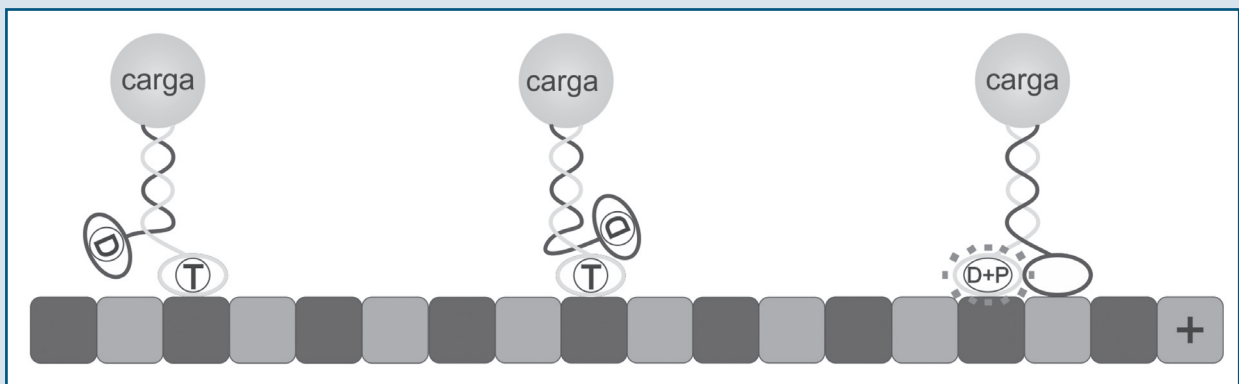


Figura 2. Representación simple del mecanismo de avance de la cinesina mediante el uso del atp (T) como fuente de energía al convertirse en adp (D).





Actualmente diversos campos de la ciencia como la física, biología y química están trabajando en conjunto con el fin de entender el mecanismo de trabajo de estos motores, de forma que las áreas multidisciplinarias se vuelven esenciales para el desarrollo de la ciencia actual. Qué tipo de interacción tienen con el microtúbulo y cómo las kinesinas logran trabajar en conjunto son algunas de las preguntas que se intentan responder para describir el transporte intracelular.

Para llevar a cabo su función de repartir paquetes en el interior de la célula, las proteínas motoras pueden ser descritas por medio de una ecuación de movimiento que toma en cuenta las fluctuaciones presentes en el sistema debido a la agitación de los átomos y moléculas, la cual se escribe como:

$$m\ddot{x} = -\gamma\dot{x} + \gamma\sqrt{2D}\xi(t) + F_E$$

Esta ecuación contiene los elementos que determinan el movimiento de la proteína dentro de la célula. Regresemos al ejemplo del repartidor que tiene que entregar un paquete al otro lado de la ciudad, sin embargo, las calles no se encuentran libres, sino que tienen tráfico, un sentido de circulación, hay accidentes y, entre otras situaciones que no se pueden controlar, son aleatorias; todos estos factores determinarán el movimiento del mensajero. Note que cada vez que el mensajero realiza ese viaje tardará diferente tiempo, aunque vaya por la misma vía, debido a las situaciones aleatorias que ocurren en el viaje. Del mismo modo, la ecuación de

Por otra parte, la kinesina es un dímero formado por dos complejos proteicos idénticos que se pueden dividir en tres secciones principales: las cabezas globulares, el tallo, y la cola.

movimiento contiene básicamente tres términos que determinan el movimiento de la kinesina en el interior de la célula: el primero se debe a la fricción y contiene la información de cómo la proteína atraviesa el medio celular; el segundo término está relacionado con las fluctuaciones térmicas y contiene la información de los obstáculos aleatorios que la kinesina debe atravesar al momento de caminar sobre el microtúbulo; el tercer término es un potencial asimétrico relacionado con las reacciones químicas y contiene la información de cómo la proteína consume su combustible para llevar a cabo su recorrido.

Cuando resolvemos estas ecuaciones se puede obtener información importante sobre su mecanismo de trabajo, como el número de pasos promedio que da en un recorrido, cuánto tiempo en promedio tarda en recorrer la distancia del microtúbulo y la velocidad promedio a la que lo recorre. Estas proteínas son realmente sorprendentes para la ciencia ya que, aunque todavía quedan muchas preguntas abiertas, son de los primeros motores a escalas nanoscópicas conocidos, de forma que sirven de inspiración para crear motores de este orden de magnitud de manera artificial que se basen en el mismo principio de los motores moleculares.





# Sistemas coloidales

## ¿qué son y cómo se estudian?

Nohely Benítez Camacho, Columba Medel Hernández, Ana Laura Merino Díaz Yanelli Vásquez Jiménez y Roberto Ramírez Sánchez

La sangre es un fluido complejo que consta de una suspensión de células sanguíneas en un líquido de plasma que contiene principalmente agua, así como proteínas, iones minerales, hormonas y glucosa. En los seres humanos los glóbulos rojos son el tipo más abundante de células en la sangre con una concentración de aproximadamente 45% de su volumen. Este líquido rojo y viscoso forma parte de un grupo selecto llamado *sistemas coloidales* que constan de partículas pequeñas y sólidas llamadas *partículas coloidales*, cuyo tamaño va de 10nm ( $10^{-8}$ m) a  $1\mu\text{m}$  ( $10^{-6}$ m) dispersas en un solvente conformado por partículas de 10 a 100 veces más pequeñas que las partículas coloidales (véase fig. 1). Claro que la sangre no es el único sistema coloidal que se conoce, si has tomado leche has tenido el gusto de conocer a otro, a las pinturas, algunos alimentos como la mayonesa, la gelatina, y muchos más ejemplos que se ven diariamente forman parte de este grupo.

Pero esto no se detiene ahí, los coloides también se encuentran dentro de un club exclusivo llamado *materia suave* [1]. Ésta se refiere a estructuras que son más grandes que los átomos y que reaccionan ante fuerzas débiles, además se comportan más lentamente cuando hay más partículas presentes. Los sistemas coloidales no son los únicos que conforman la materia suave, encontramos también a los polímeros, los cristales líquidos (reciben este nombre ya que sus moléculas están semiordenadas, por lo que tienen propiedades de cristales y de líquidos), etcétera.

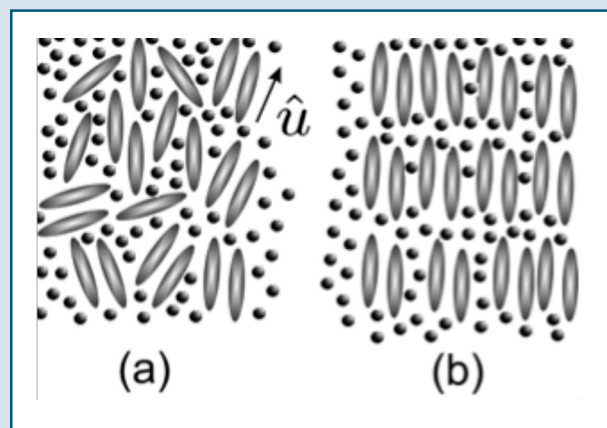


Fig. 1 Sistema coloidal formado por partículas en forma de barra en a) fase isotrópica (desordenada) y b) fase nemática (orden orientacional).

En la actualidad existen problemas en esta ciencia que requieren herramientas para la manipulación de partículas. Para este propósito se ha desarrollado una amplia gama de métodos utilizando fuerzas, campos potenciales ópticos, eléctricos, magnéticos y acústicos [2]. Pero, pese a los beneficios y versatilidad de estos métodos, se necesitan más y mejores herramientas. En particular, el control sobre la posición de las partículas coloidales en un medio líquido ha permitido estudios completos sobre los problemas fundamentales de la física, la química, la biología y la ciencia de materiales.

Las partículas coloidales pueden sufrir cambios de fase o cambios en su orientación dependiendo

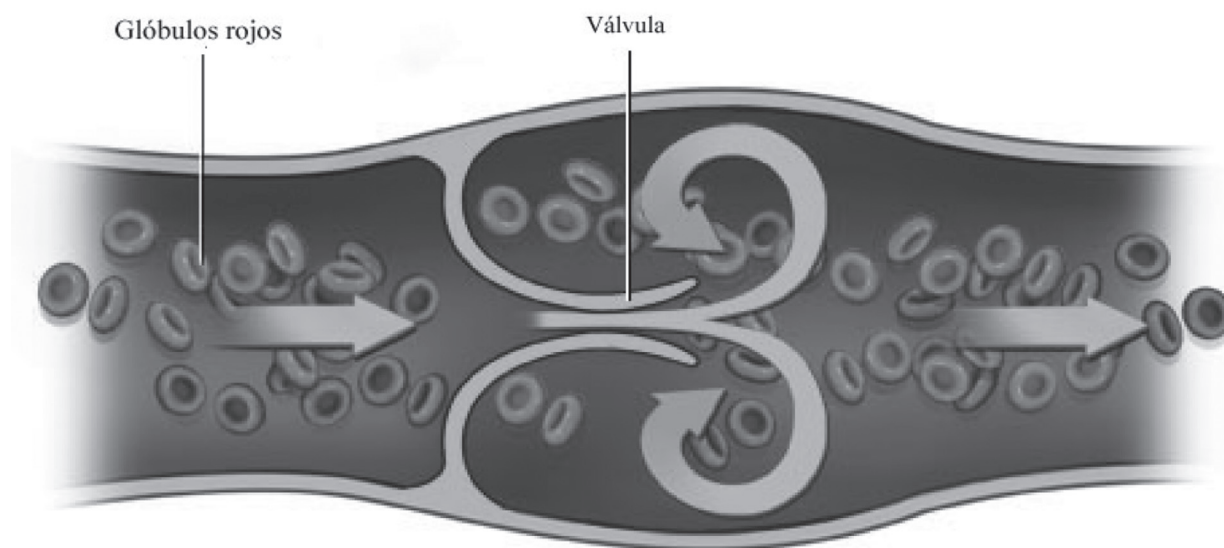


Fig. 2 Vena con glóbulos rojos desplazados por un flujo provocado por una válvula [4].

de la acción bajo la que se encuentren. Por ejemplo, pueden pasar de la fase isotrópica (véase fig. 1a) a la fase nemática (ver fig. 1b), mediante un cambio de concentración por la aplicación de fuerzas externas provocadas por campos eléctricos o magnéticos o por encontrarse en flujos elongacionales o rotacionales, entre otros mecanismos. Un ejemplo de sistema coloidal sometido a un flujo elongacional es la sangre, donde las partículas coloidales son los glóbulos rojos y los flujos son provocados por contracciones naturales del cuerpo. En la fig. 2 se muestra una vena con glóbulos rojos movidos por un flujo provocado por una válvula.

Para estudiar este comportamiento físico necesitamos de una expresión matemática, particularmente de una ecuación de movimiento que describa a nuestro sistema coloidal. Dos de las ecuaciones encontradas en la literatura para estudiar los sistemas coloidales son la ecuación de Langevin y la ecuación de Smoluchowski [3]. La primera, no es más que la ecuación de movimiento de Newton (como la que viste en preparatoria) en la que se involucran las colisiones aleatorias de las partículas del solvente contra la partícula coloidal; mientras que la segunda es una ecuación de movimiento que nos indica la probabilidad de hallar a la partícula en cierta posición y orientación [1].

El resolver estas ecuaciones implica la contemplación de diversos fenómenos físicos y matemáticos

» Para estudiar este comportamiento físico necesitamos de una expresión matemática, particularmente de una ecuación de movimiento que describa a nuestro sistema coloidal.

que nos permiten, poco a poco, llegar a la solución. Sin embargo, casi siempre es analítica, por lo que requerimos del uso de lenguaje de programación para hallar soluciones numéricas y, posteriormente, realizar simulaciones.

Así que, como ya hemos visto, el estudio de sistemas coloidales bajo la influencia de variables externas (campos electromagnéticos, flujos) o internas (interacción entre partículas coloidales y con el solvente); nos abrirá las puertas a la solución de diversos problemas de las ciencias exactas y naturales.

## Bibliografía

- [1] Dhont, J. K. G., Gompper, G., Meier, G., Richter, D., Vliegthart, G., & Zorn, N. (2015). *Functional soft matter: Lecture Notes of the 46th IFF Spring School*.
- [2] Tanyeri, M., & Schroeder, C. M. (2013). *Manipulation and Confinement of Single Particles Using Fluid Flow*. *Nano Letters*, 13(6), 2357-2364. Available: <https://doi.org/10.1021/nl4008437>
- [3] Dhont, J. K. G. (1996c). *An Introduction to Dynamics of Colloids* (Ed. rev.). Amsterdam, The Netherlands: Elsevier Science.
- [4] Kaiser Permanente. Available: <https://espanol.kaiserpermanente.org/static/health-encyclopedia/es-us/kb/tp14/092/tp14092.shtml>





# Entrevista Dr. Valeri Ivanovich Poltev

## ¿Cuál fue la razón que lo llevó a estudiar Biofísica?

Era 1958, estaba en el tercer año de mis estudios en la Facultad de Física en la Universidad Estatal de Moscú "Lomonosov" (UEM), a partir del segundo semestre se iniciaban los cursos de especialidad de acuerdo con el área escogida, por lo que, tres logros científicos sucedidos un año antes fueron los que influyeron en mi decisión: (a) el descubrimiento de la estructura de ADN por Watson y Crick en 1953; (b) en genética clásica formal, varias regularidades simples de la herencia de los caracteres que dieron respuestas interesantes no solo para la ciencia fundamental sino también en muchas áreas de la vida normal y (c) el alto nivel de orden y la sincronización de las componentes de la célula durante la replicación de las células (llamado el baile de los cromosomas).

La novedad de los problemas por supuesto influyó sobre la elección de la especialidad, además de las dificultades que encontraba cuando buscaba la información y el hecho de que no había representantes oficiales de la biofísica en la facultad. Nosotros fuimos el segundo grupo de biofísicos en la facultad (apenas tenía un año que se había creado el primer grupo por iniciativa de algunos físicos de vanguardia), pero aún no existía esa especialidad, formalmente apareció, por primera vez en el mundo, durante el proceso de educación de nuestro grupo, que fue cuando se empezó a enseñar biofísica a los estudiantes de física.

## ¿Cómo era la investigación en biofísica en la Unión Soviética?

Después de terminar mi doctorado fui a trabajar al Instituto de Física Biológica de la Academia de Ciencias de la URSS, como investigador principal junior, el equivalente aquí a profesor investigador asociado. En el instituto obtuve un segundo grado de Doctor en Ciencias. Desde mis primeros trabajos como estudiante y hasta la actualidad me he dedicado principalmente a la investigación de la física de los ácidos nucleicos. En la URSS la investigación fundamental se hizo principalmente en los institutos de la Academia de Ciencias. El Instituto de Física Biológica fue uno de los primeros construidos en el Centro Científico de las Investigaciones Biológicas de la Academia de Ciencias de la URSS en Pushchino, a 100 km de Moscú. En este lugar se crearon las mejores condiciones tanto para hacer ciencia como para la vida cotidiana, ya que los trabajadores recibían sus departamentos bastante rápido y de forma gratuita. Los institutos se construían uno tras otro en la calle Institutskaya ("De los Institutos"), separada por una zona verde y paralela se encontraba el boulevard de Ciencias donde se situaban las casas para los investigadores. Todo en Pushchino fue dedicado al servicio de la ciencia y no había ninguna otra empresa o actividad que no estuviera relacionada con la ciencia. Posteriormente, cuando el financiamiento de la ciencia fue recortado sustantivamente, esto resultó en una tragedia para la ciudad, pero entonces ya no existía la Unión Soviética.



### ¿Cómo llegó a México?

Gracias a varias circunstancias favorables que se conjuntaron en los últimos meses de la existencia de mi país. Al entonces Instituto Teórico y Experimental de Biofísica llegó la proposición del departamento internacional de la academia de ciencias de la URSS de aceptar en el doctorado a Eduardo Gonzalez, que de acuerdo con su solicitud quería estudiar física de ácidos nucleicos. En ese entonces la URSS aceptaba sin pago a los estudiantes de diferentes países creando condiciones favorables para estudiar la maestría (que incluía la licenciatura) y el doctorado. Estas condiciones cambiaron radicalmente con los cambios de mi país, pero en esos años aparecieron posibilidades para invitar a científicos extranjeros para trabajar en las universidades mexicanas por parte del Conacyt; las llamadas *cátedras patrimoniales*. Así que, en uno de esos programas me invitaron a trabajar por dos años en la BUAP, en donde continúo después de 21 años, y donde obtuve la nacionalidad mexicana en el año 2007.

### ¿Considera que los jóvenes en México se interesan en el estudio de la biofísica?

¡Sí!, hay un interés marcado en los temas de la biofísica, esto se puede ver en nuestra facultad por el aumento y la cantidad de estudiantes que quieren estudiar biofísica, así como hacer sus tesis en algún tema de biofísica, para después seguir estudiando la maestría y el doctorado. Si en los primeros años (hace 17 o 19 años) eso pudo explicarse por la novedad del problema, ahora

está relacionado particularmente con el interés hacia el estudio de la física de lo vivo.

### ¿Qué les recomendaría a los jóvenes que comienzan a involucrarse en el mundo de la ciencia?

Interesarse por el estado contemporáneo de las diferentes áreas de física y hacer la selección de su área, para después esforzarse por actualizar y conocer previamente el estado actual y a nivel mundial, así como el entorno inmediato (en la facultad y en la universidad). Tomar lo más pronto posible la decisión del área de la física a la que uno quiere dedicarse, esto sería conveniente desde el tercer año de la carrera.

### ¿Cómo ve el futuro de la biofísica en la universidad y en general en México?

La biofísica va a seguir desarrollándose en nuestra universidad y en nuestro país. Esto es inevitable en vista de la importancia de la biofísica como ciencia fundamental y aplicada.

Muchas de las preguntas relacionados con la medicina, la agricultura, las tecnologías de avanzada, etcétera, requieren del enfoque biofísico multidisciplinario. Para esto es necesario la preparación de nuevos especialistas en biofísica con una base sólida en la física fundamental. Por eso la necesidad de actualizar los cursos de biofísica cuyo propósito tendría que ser no solo la descripción de los resultados de la investigación de las generaciones anteriores, sino plantearse el





autoaprendizaje a partir de plantear nuevas preguntas, y proponer nuevos métodos basándose en los conocimientos recibidos.

### ¿Qué satisfacciones y reconocimientos le ha proporcionado la ciencia?

Según mi experiencia, de más de medio siglo del trabajo científico, debo reconocer que el hecho de obtener resultados interesantes (que normalmente requieren de un considerable esfuerzo tanto intelectual como físico) provee una de las mayores sensaciones de deleite con la vida y por el papel que uno desarrolla en ella. Pero esta satisfacción y el reconocimiento por parte de otros científicos y autoridades administrativas, no es y no puede ser constante ni prolongado ni para el científico medio ni para los científicos sobresalientes y altamente valorados. Una satisfacción que trae el reconocimiento del trabajo exitoso por la comunidad científica, en mi caso, por ejemplo, es la defensa del segundo grado de doctor ante un comité científico compuesto por la mayoría de los biofísicos de mi país en 1983, o las invitaciones a los congresos científicos representativos (por ejemplo, a los congresos en Italia, en uno de los cuales en 1984, los participantes soviéticos fuimos recibidos por el Papa), o haber recibido el grado de *Profesor* conseguido por la comisión superior de certificación de Rusia en 1992. Otro no menos importante fue el Premio Estatal en Ciencias Exactas por parte del Gobierno de Puebla en 2008.

» Muchas de las preguntas relacionadas con la medicina, la agricultura, las tecnologías de avanzada, etcétera, requieren del enfoque biofísico multidisciplinario. Para esto es necesario la preparación de nuevos especialistas en biofísica con una base sólida en la física fundamental.

Una gran cantidad del tiempo ocupado en hacer ciencia al buscar las nuevas “verdades” consiste en la insatisfacción con los resultados obtenidos. Como decía M. A. Blumenfeld, frecuentemente: “trabajar sobre un problema interesante no sólo no es placentero sino hasta tedioso y desagradable”. Su punto de vista sobre la satisfacción o insatisfacción del trabajo por resolver un problema científico se podría explicar así. Los minutos y horas de satisfacción por tus propios resultados y por sí mismos son solo una pequeña parte del tiempo que el verdadero científico, ya sea experimental o teórico, pasa en el trabajo. La mayor parte del tiempo del trabajo es simplemente tedioso y en algunos momentos frustrante y repulsivo, nunca resulta lo que uno supuso, y tienes que regresar una y otra vez al principio del trabajo, comparar una y otra vez los resultados y conclusiones, pero el no hacer esto, no continuar con el trabajo empezado, para un verdadero científico sería todavía más repulsivo.



## BIOGRAFÍA

# Mijail Vladimirovich Volkenstein

Por Eduardo González Jiménez

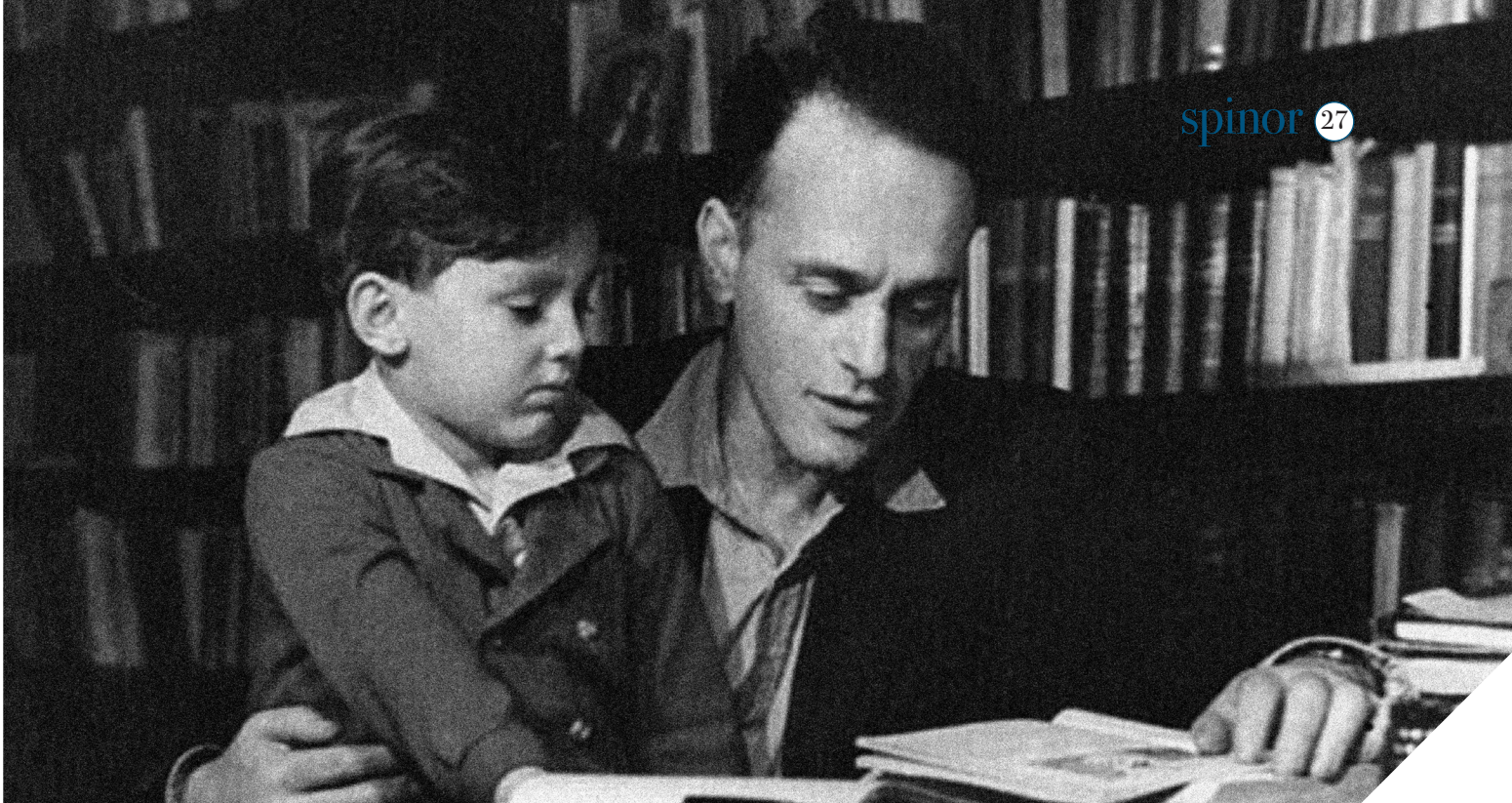
**M**uchos de los físicos, formados en las últimas décadas del siglo xx en México, recuerdan el nombre del científico soviético, Mijail Vladimirovich Volkenstein, asociado principalmente al libro *Biofísica* que fue editado por la ya desaparecida Editorial MIR de Moscú. Este libro, no solo por su accesibilidad, sino por su calidad, fue el primer acercamiento a esta ciencia multidisciplinaria de la Biofísica para muchos físicos y estudiantes de física de nuestro país.

Volkenstein nació en San Petersburgo el 23 de octubre de 1912, y terminó sus estudios de doctorado en la facultad de Física de la Universidad Estatal de Moscú en 1935. Su primera experiencia en la investigación fue en el Instituto de Física y Química "L. Ya. Karpov" de Moscú. Posteriormente, durante la Segunda Guerra Mundial, es trasladado a trabajar en una planta industrial química de un lugar perdido de Siberia, y luego re-

gresa a su ciudad natal, entonces llamada Leningrado, al recién creado Instituto de Compuestos Macromoleculares, para trabajar investigando la estructura de los polímeros con espectroscopia molecular. Durante este periodo (1933-1948) su principal contribución fue en el campo de las intensidades del espectro de vibración de moléculas complejas. Las bases físicas de esta teoría son simples: las cargas del momento dipolar y la polarizabilidad de una molécula en vibración están dadas como la suma de las características de sus enlaces de valencia.

A partir de 1948, el siguiente periodo de su vida en Leningrado (hoy San Petersburgo), dirigió su atención al nuevo campo de las macromoléculas, de tal forma que organiza y dirige hasta 1953 el Laboratorio de Física de Polímeros, convirtiéndose en uno de los más importantes contribuidores a la teoría estadística de tales moléculas. Establece el objetivo básico de este campo,





el cual es predecir la flexibilidad y otras propiedades físicas de los polímeros, a partir de la estructura química de sus cadenas. Propone un modelo físico simple en el cual una cadena polimérica es vista como un sistema cooperativo lineal con varios estados discretos para cada monómero. En ese año suceden los eventos que marcan una revolución en las ciencias biológicas, que conducen al descubrimiento de la estructura del ADN. Naturalmente su interés se dirigió a las cuestiones de la biología molecular y la biofísica molecular. El tratamiento de Volkenstein de la cadena polimérica como un sistema cooperativo lineal es de suma importancia en biofísica. Las teorías ampliamente conocidas de la transición hélice-globulo en polipéptidos y ADN se basan en esta idea.

En 1967 se traslada a Moscú donde se convirtió en el jefe del Laboratorio de Física de Biopolímeros del Instituto de Biología Molecular de la Academia de Ciencias de la URSS en Moscú y en la División de Física de las Estructuras Biomoleculares del Instituto de Biofísica de la Academia de Ciencias de la URSS en Pushchino; una ciudad científica fundada especialmente para el estudio de las ciencias biológicas, donde se dedicó a estudiar la estructura de las proteínas, la catálisis enzimática, desde el punto de vista de la física.

Al igual que otros físicos como Schrödinger, hacia finales de los años 70, M. V. Volkenstein se dedica a explorar la cuestión profunda del origen de la vida y así principian sus investigaciones del complejo de pro-

» En una serie de conferencias, realizadas en Berlín sobre el tema “Procesos irreversibles y auto organización”, Volkenstein conoce a Ilya Prigogine entablándose entre ellos una estrecha amistad. Ilya Prigogine, un belga de origen ruso, premio Nobel de Química en 1977 por sus trabajos de la termodinámica fuera del equilibrio, desarrolla el término *sinergia*.

blemas ligados a la entropía, información y vida. En su obra *Entropía e Información* trata el concepto termodinámico de la entropía y su relación con la teoría de la información. Explica la universalidad del término *entropía* no sólo como un fenómeno físico, sino que también revela su existencia en otros dominios. Por ejemplo, Volkenstein discute el *significado* de la entropía en un contexto biológico y muestra cómo la entropía está relacionada con las actividades artísticas

En una serie de conferencias, realizadas en Berlín sobre el tema “Procesos irreversibles y auto organización”, Volkenstein conoce a Ilya Prigogine entablándose entre ellos una estrecha amistad. Ilya Prigogine, un belga de origen ruso, premio Nobel de Química en 1977 por sus trabajos de la termodinámica fuera del equilibrio, desarrolla el término *sinergia*. Respecto a esto, Volkenstein explica que la sinergia estudia los llamados sistemas abiertos que intercambian materia emergente con lo que les rodea.



Por supuesto, todo organismo viviente, toda célula y la biosfera en su totalidad, son sistemas abiertos, pero sistemas que se hallan muy lejos del equilibrio. En estos sistemas, la autoorganización de su comportamiento estructural en el tiempo y en el espacio puede realizarse debido precisamente al caos. El caos produce organización, y ésta es la nueva física.

Así sentencia el científico soviético refiriéndose a cómo se entiende ahora el estado de permanente variabilidad de la naturaleza.

Su vida familiar la hizo con Estela Alienikova, profesora de español, activista social e internacionalista. Fue voluntaria y participó en la guerra civil española y luchó contra los fascistas de Franco. A finales de 1980, Volkenstein viajó con su esposa a varios países de Europa para dictar conferencias, y además visita-

ron España, el lugar donde su esposa combatió en las barricadas durante la guerra civil española. También fue un hombre de su tiempo, formó parte del grupo Tribuna de Moscú, un movimiento de intelectuales con participación política durante el periodo de la Perestroika en su país.

En una entrevista dada al diario español *El País*, en diciembre de 1988 con motivo de recibir el doctorado Honoris Causa en la Universidad Autónoma de Madrid, Mijail Vladimirovich Volkenstein afirmó: "hasta el final de mi vida creo que estaré ocupado sólo con los problemas de la evolución". El 18 de febrero de 1992, el científico soviético llegó a ese final, no sin antes dejar una amplia producción científica en publicaciones, entre ellas el libro *Biofísica*, traducido al español y a otros idiomas.



## Estudiantes e investigadores

Por este medio, los invitamos a participar en la revista de divulgación científica *Spinor*, editada por la Dirección de Divulgación Científica de la Vicerrectoría de Investigación y Estudios de Posgrado de nuestra universidad.

El principal objetivo de la revista es abrir un espacio para la difusión del quehacer científico en las diversas unidades académicas, así como reseñar el panorama científico histórico actual. Es por esto que los invitamos a escribir un artículo con carácter de divulgación sobre sus actividades de investigación y someterlo para publicación.

A los interesados les pedimos envíen su artículo al correo electrónico de divulgación:

**[divulgacion.viep@correo.buap.mx](mailto:divulgacion.viep@correo.buap.mx)**

Esperamos su respuesta a esta invitación, para cualquier aclaración al respecto puede comunicarse con nosotros a la misma dirección de correo o al tel. 229.55.00 ext. 5729.

**La Dirección de Divulgación Científica de la VIEP está ubicada en 4 Sur 303 planta alta, Centro Histórico**

**Para dudas o comentarios comunicarse a la extensión 5729.**