



# Margaret Oakley Dayhoff

## (1925-1983)

Rosalía Rodríguez

Dpto. de Bioquímica y Biología Molecular, Universidad Complutense de Madrid



Margaret Dayhoff fue pionera en la aplicación de las técnicas matemáticas y de computación al campo de la bioquímica, especialmente en el estudio de la evolución molecular de proteínas. Estableció el primer banco de secuencias de macromoléculas y trazó el código de una letra para la designación de los aminoácidos. Se la considera la fundadora de la bioinformática, herramienta continuamente utilizada en todo laboratorio de biología molecular.

**M**argaret B. Oakley nació en Filadelfia. Se graduó en matemáticas en el Washington Square College de Nueva York en 1945. Obtuvo su PhD en química cuántica en 1948 por la Universidad de Columbia. Trabajó hasta 1951 como *research fellow* en el Instituto Rockefeller de Nueva York –ahora Universidad–, y de 1957 a 1959 en la Universidad de Maryland. Durante 21 años fue directora asociada en la National Biomedical Research Foundation y durante 13 años *professor* de Fisiología y Biofísica en la Georgetown University Medical Center. Fue presidenta de la Sociedad Americana de Biofísica, en la que desarrolló programas específicos para la incorporación de mujeres a las carreras científicas.

Ya desde su tesis doctoral, adivinó el potencial de los computadores para revelar información oculta en los datos experimentales. Ideó un método para el cálculo de energías de resonancia molecular mediante tarjetas perforadas posibilitando procesar el ingente número de cálculos requeridos. Su interés en la biología surgió en 1961 colaborando con el Dr. Lippincott y Carl Sagan en el desarrollo de modelos termodinámicos que permitieran simular atmósferas prebiológicas.<sup>1</sup> Así, pudo modelar ambientes extraterrestres como los de Venus, Júpiter, Marte, e incluso las atmósferas actual y

primigenia de la Tierra. También obtuvo las primeras evidencias sobre el origen procariótico de cloroplastos y mitocondrias. Pero sus más importantes contribuciones estuvieron en el análisis de las relaciones estructura-función de proteínas y en la evolución molecular, mediante la elaboración de bases de datos y el uso de programas informáticos. En 1965 publicó el *Atlas on Protein Sequence and Structure*,<sup>2</sup> primera recopilación de secuencias de proteínas y genes, cuyas versiones posteriores justifican las más de 4500 citas al texto durante las dos décadas siguientes. A pesar de las dificultades que encontró para la financiación de proyectos que se juzgaban exclusivamente teóricos, estableció y desarrolló muchas de las herramientas que actualmente se utilizan para la compilación, diseño y manejo de los bancos de secuencias de biopolímeros,<sup>3,4</sup> haciendo de ello un instrumento indispensable de la biología molecular contemporánea, pues permite, por ejemplo, *a)* identificar proteínas a partir de la comparación de secuencias, *b)* establecer árboles filogenéticos y organizaciones jerárquicas en proteínas, *c)* detectar regiones conservadas o duplicadas, *d)* describir centros activos, *e)* predecir funciones y estructuras, y un largo etcétera. La investigación de Dayhoff destaca por su visión universalista de la ciencia, pues analiza datos de un amplio espectro de especies –aproximación característica de los estudios tradicionales

de historia natural– y los acerca a las vías modernas de investigación experimental que suelen centrarse en un limitado número de organismos modelo.

Margaret fue especialmente sensible a las dificultades de las científicas jóvenes que intentan posicionarse en campos dominados por hombres.<sup>5</sup> Ella misma sufrió discriminación al querer reincorporarse a la investigación después de estar apartada varios años para criar a sus dos hijas –ahora doctoras, en Biofísica y en Medicina–. En su propio grupo, así como desde la Sociedad Americana de Biofísica, puso especial empeño en estimular las carreras científicas de las mujeres. #

### ► Bibliografía

- Dayhoff M.O., Lippincott E.R., Eck R.V.: «Thermodynamic equilibria in prebiological atmospheres». *Science* 1964; 146: 1461-4.
- Dayhoff M.O., Eck R.V., Chang M.A., Sochard M.R.: *Atlas of protein sequence and structure*. Silver Spring: National Biomedical Research Foundation, 1965.
- Dayhoff M.O., Barker W.C., Hunt L.T.: «Establishing homologies in protein sequences». *Meth Enzimol* 1983; 91:524-45.
- Strasser B.J.: «Collecting, comparing, and computing sequences: the making of Margaret O. Dayhoff's Atlas of Protein Sequence and Structure, 1954-1965». *J Hist Biol* 2010; 43: 623-60.
- Véase [www.dayhoff.cc](http://www.dayhoff.cc).