

## Premio Nobel de Química 2009

### Las claves de la vida a escala atómica

*A comienzos del s. XX el fundamento químico de la vida era un misterio. Hoy conocemos cómo funcionan, a escala atómica, la mayor parte de los procesos más importantes.*

*El Premio Nobel de Química ha sido concedido por la descripción detallada de los ribosomas, los orgánulos en los que se fabrican las proteínas. Los ribosomas traducen la información pasiva del ADN en proteínas.*

La teoría general de la evolución, publicada por Charles Darwin en 1859, está basada en la suposición de que algunas características de los organismos son hereditarias y que en su transmisión pueden tener lugar cambios aleatorios. Si estos cambios son favorables incrementarán la posibilidad de supervivencia del organismo en cuestión, entonces esos cambios serán transmitidos a las siguientes generaciones.

Una vez que la comunidad científica asumió las ideas de Darwin, surgieron nuevas preguntas: ¿qué se transfiere exactamente, dónde se producen los cambios aleatorios, cómo se manifiestan en un organismo vivo?.

El premio Nobel de Química 2009 es el tercero de una serie que muestran cómo funcionan realmente las teorías de Darwin a escala atómica. Imágenes, generadas por medio de variadas técnicas de rayos X, muestran cómo en el código del ADN está escrito no sólo como oímos, sentimos o percibimos mediante el gusto; como se forman músculos, huesos y piel, sino también como pensamos y hablamos.

La trilogía de premios comenzó con uno de los más famosos premios Nobel, el de 1962, que reconocía la elaboración del modelo de doble hélice para la molécula de ADN por James Watson, Francis Crick y Maurice Wilkins. El segundo premio fue otorgado en 2006 a Roger D. Kornberg por explicar (mediante estudios de rayos X) cómo la información se copia a la molécula de ARN mensajero.

#### ***Los ribosomas traducen la información genética en acción***

Los tres laureados en química para 2009, **Ada E. Yonath, Thomas A. Steitz y Venkatraman Ramakrishnan**, son recompensados por la detallada descripción de los ribosomas (unas estructuras de gran complejidad) a escala atómica. Los ribosomas leen la información del ARN mensajero y, en función de esa información, fabrican proteínas. Los científicos se refieren a este proceso como *la traducción*. Es durante este proceso de traducción cuando la información ADN/ARN se convierte en proteínas, cuando la vida alcanza toda su complejidad.

El cuerpo contiene decenas de miles de proteínas diferentes que controlan lo que sucede en el cuerpo con una precisión asombrosa. Ejemplos de tales proteínas son la hemoglobina, que transporta el oxígeno desde los pulmones al resto del cuerpo; la insulina, que controla el nivel de azúcar en sangre; los anticuerpos que capturan a los virus intrusos; y la queratina, con la que se construye el cabello y las uñas.

Hay ribosomas en todas las células de los organismos vivos, desde las bacterias a los seres humanos. Como ninguna criatura viviente puede sobrevivir sin los ribosomas, son los objetivos perfectos de los medicamentos. Muchos de los antibióticos actuales tienen como objetivo los ribosomas de las bacterias. Por tanto, el conocimiento que los premios Nobel de este año nos proporcionan puede ser de gran valor para el desarrollo de nuevos antibióticos. Pero aún hay más. Empecemos con un misterio que ha fascinado a químicos y biólogos desde mediados del siglo XX. ¿Cómo funciona la vida desde el punto de vista químico?

## **Las proteínas: una cadena de perlas de aminoácidos**

A principios de la década de 1940, el conocimiento de la célula había avanzado hasta tal punto que los científicos sabían que los rasgos hereditarios eran transmitidos por los cromosomas. Los cromosomas consisten en ácidos nucleicos (ADN) y proteínas (figura 1). La mayoría de la comunidad científica pensaba entonces que las proteínas eran los portadores de los rasgos hereditarios, ya que son más complejas que el ADN.

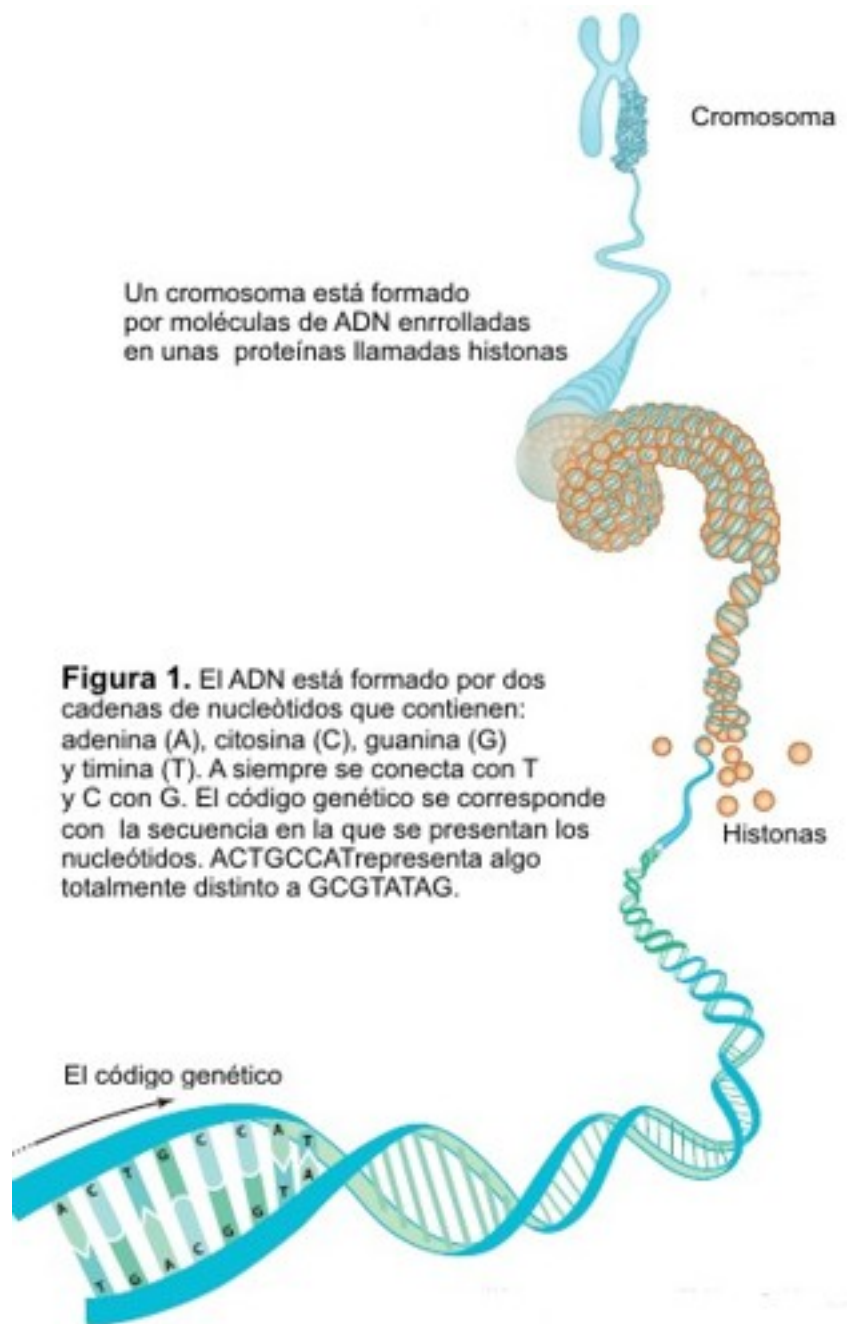
La comunidad científica estaba fascinada por las proteínas. Se sabe que algunas proteínas funcionan como bloques de construcción. Otras, como las enzimas, desencadenan y controlan las reacciones químicas. Sin embargo, a pesar de que realizan tantas funciones diferentes en la célula, todas las proteínas constan de los mismos bloques; esto es, de veinte tipos de aminoácidos que, como perlas, permanecen juntos en largas cadenas (figura 3). Las uniones entre ellos, conocidos como enlaces peptídicos, es muy estable. Una cadena de proteína puede tener unos pocos aminoácidos o decenas de miles. La insulina, por ejemplo, es mucho más corta que la hemoglobina de las células sanguíneas.

## **El ADN: demasiado simple para ser el portador de la herencia**

La molécula de ADN, sin embargo, despertaba un escaso interés entre los científicos de la década de 1940. En 1871 fue aislado del núcleo celular por el científico suizo Friedrich Miescher, quien dio el nombre de nucleínas a las nuevas moléculas (del latín núcleo).

De forma análoga a las proteínas, el ADN consiste en una cadena de moléculas más pequeñas. El ADN, sin embargo, consta de sólo cuatro bloques diferentes: los nucleótidos (figura 1). Estos son portadores de cuatro aminoácidos: adenina (A), citosina (C), guanina (G) y timina (T).

Cuatro bloques de construcción parecían demasiado poco para realizar cualquier tarea importante en la célula. Se creía, por tanto, que el ADN funcionaba, principalmente, como un esqueleto para las proteínas del cromosoma.



En el año 1944, sin embargo, se vivió el retorno de la molécula de ADN. En lo que se conoce como el experimento de Avery-MacLeod-McCarty, ADN de bacterias muertas fue inoculado en bacterias vivas, con el resultado de que estas últimas se transformaron. Pasaron de ser no virulentas a ser virulentas (desencadenadoras de enfermedad).

Aunque el experimento fue bastante criticado, el ADN se convirtió en el nuevo foco de atención de la comunidad científica. La comprensión de cómo el ADN podía portar los rasgos hereditarios se tuvo a partir del modelo de doble hélice.

### ***La elegante doble hélice***

El 28 de febrero de 1953, James Watson y Francis Crick en el Laboratorio Cavendish, de la universidad de Cambridge (Reino Unido), ensamblaron las piezas del rompecabezas. Durante varios años habían tratado de comprender cómo cuatro nucleótidos de la molécula de ADN podrían ser ensamblados en una estructura tridimensional.

Una excelente imagen de difracción de rayos X generada por Rosalind Franklin en el King's College de Londres, mostró, entre otras cosas, que el ADN forma una espiral, una hélice, integrada por dos cadenas. El análisis realizado por el bioquímico Erwin Chargaff había demostrado que el ADN, independientemente de que provenga de bacterias, insectos o animales, siempre contiene la misma cantidad de adenina (A) y timina (T) por un lado y de citosina (C) y guanina (G), por otro.

Watson y Crick habían trabajado hasta entonces con fórmulas incorrectas para los nucleótidos. La corrección realizada por un colega les llevó a comprender que la A se une a la T y que la G se une a la C (figura 1). Los pares de nucleótidos, o los pares de bases como son más comúnmente conocidos, tienen el mismo tamaño y encajan perfectamente en una doble hélice.

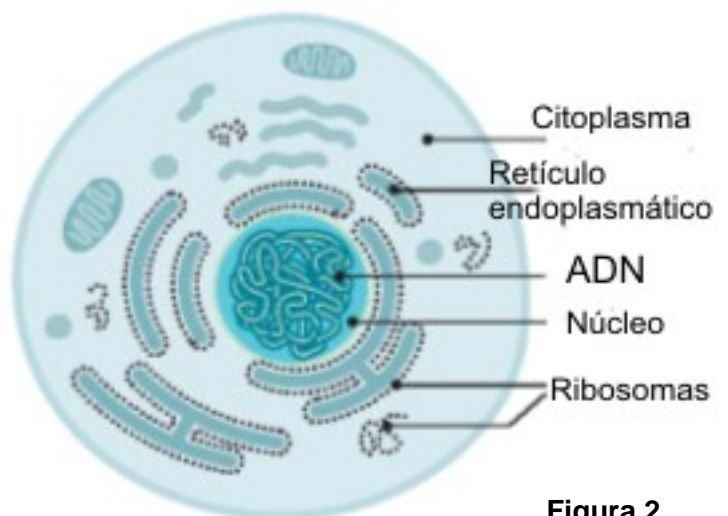
La comunidad científica se dio cuenta entonces de que el código genético está contenido en la secuencia de nucleótidos de cada hebra. ATGCGCAT representa algo completamente diferente de GCGTATAG. Los científicos se dieron cuenta de que la secuencia de los nucleótidos controla la secuencia de los aminoácidos en las proteínas. Pero la pregunta sigue siendo, ¿cómo?

### ***EL ARN, un primo del ADN***

A la vez que Watson y Crick hicieron su gran descubrimiento, la comunidad científica comenzó a interesarse por otro ácido nucleico que se encuentra principalmente en el citoplasma. Desde hacía tiempo se sabía que el ADN tenía “un pariente”, el ARN, formado también por cuatro nucleótidos diferentes. En lugar de la timina (T), presente en el ADN, el ARN contiene uracilo (U).

A principios de la década de 1950, los científicos se dieron cuenta que la mayor parte del ARN se encuentra en unas pequeñas partículas situadas en el citoplasma (figura 2).

Además, descubrieron que ese era el lugar donde se sintetizan las proteínas. En 1958 dieron el nombre de ribosomas a las partículas donde se producen las proteínas. Constan de proteínas y moléculas de ARN (ARN ribosómico o ARNr).



**Figura 2**

## El código genético es descifrado en la década de 1960

Por lo tanto, 100 años después de que Darwin elaborara su teoría de la evolución, los científicos habían identificado el ADN como la molécula que porta los rasgos hereditarios. La secuencia de los nucleótidos controla la secuencia de los aminoácidos en las proteínas, que son producidas por los ribosomas en el citoplasma. ¿Pero cuál era el vínculo entre el ADN y los ribosomas? Ambos se encuentran en distintos lados de la membrana nuclear y no tienen contacto (figura 2).

La respuesta se dio a comienzos de la década de 1960. Los científicos se dieron cuenta de que el mensaje genético se copia a una molécula de ARN (figura 3). Se le llamó ARN mensajero (ARNm). El ARNm sale del núcleo y es capturado por los ribosomas, que utilizan el ARNm como un plano para la síntesis de las proteínas.

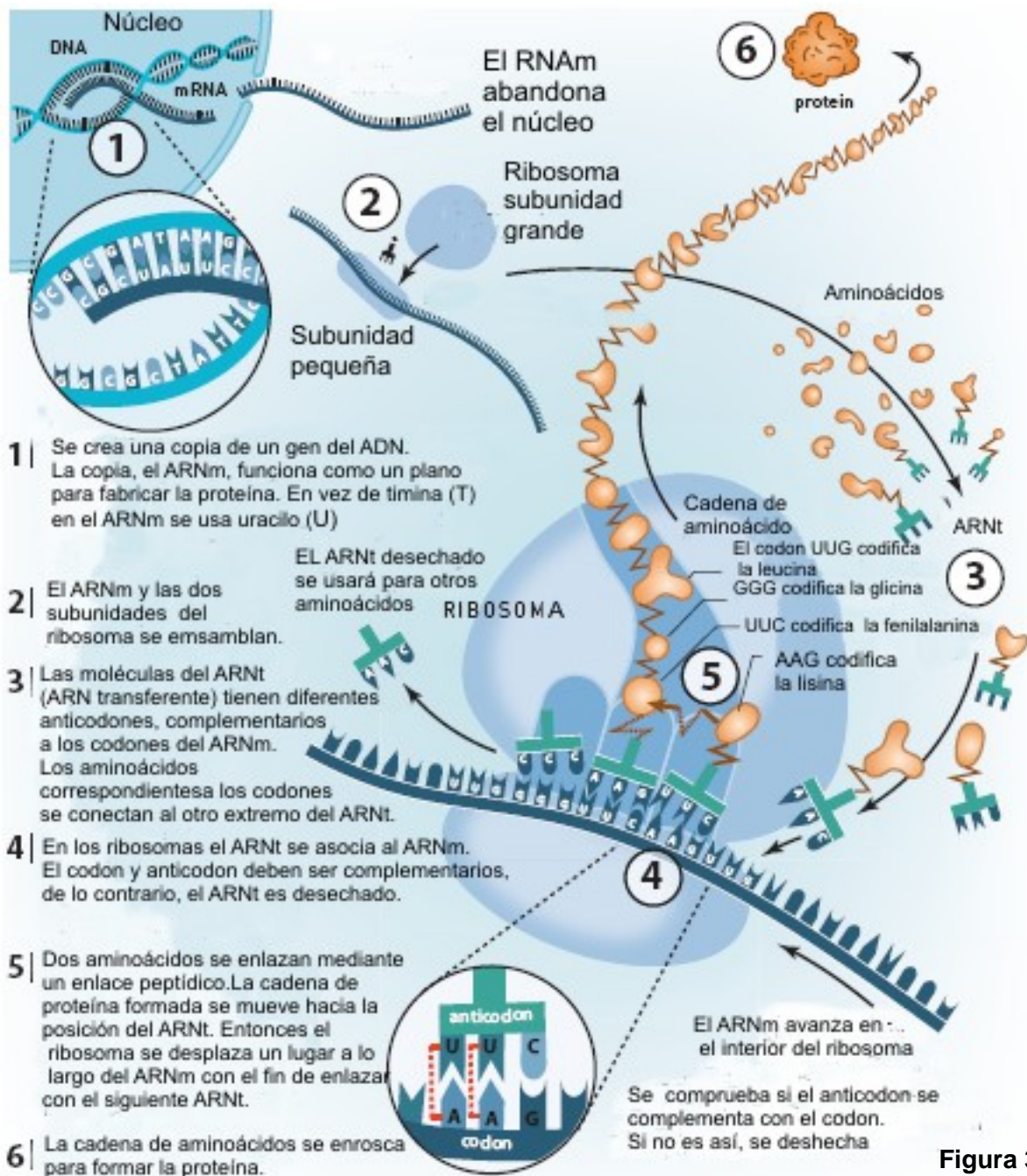


Figura 3

Una vez que esto se supo, los científicos descifraron rápidamente el código genético con la ayuda de ARNm artificial y ribosomas en experimentos realizados en tubos de ensayo. Los ribosomas leen los nucleótidos en el ARNm en tripletes o codones. El primer codón conocido por los científicos

ficos fue el UUU, que en los ribosomas codifica la producción del aminoácido fenilalanina. Hay 64 codones diferentes y sólo 20 aminoácidos, por lo que algunos de los aminoácidos son codificados por más de un codon.

La lectura la realiza otra molécula de ARN, el ARN de transferencia (ARNt). En un extremo de la ARNt, hay un anticodon que es complementario del codon correspondiente de la molécula de ARNm de los ribosomas (figura 3). En el otro extremo, se enlaza el aminoácido correspondiente al codon.

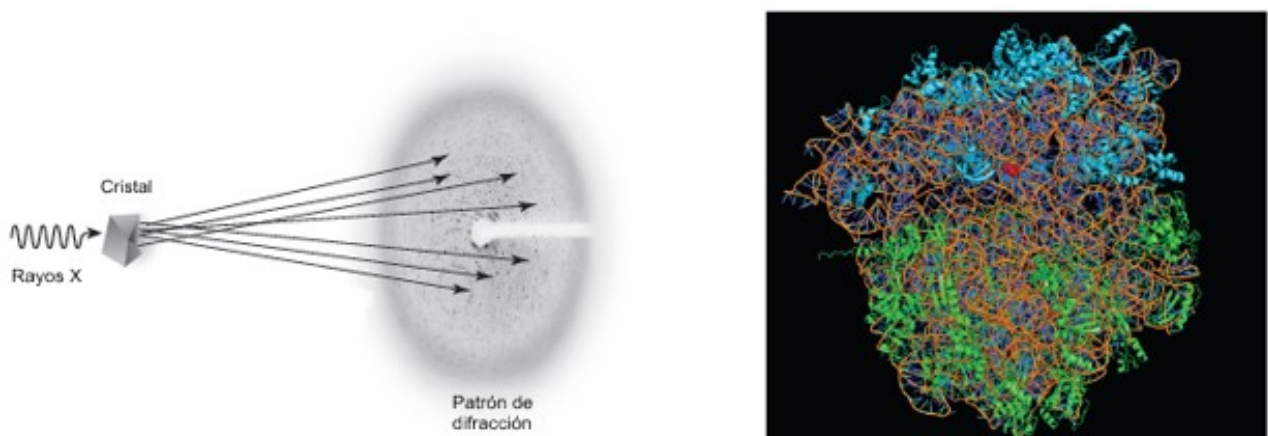
Así surgió la imagen del proceso fundamental de la vida: la manera en que fluye la información del ADN al ARN y se convierten en enzimas y otras proteínas. La imagen seguía siendo, no obstante, bastante esquemática. Como James Watson escribía en 1964: "Desafortunadamente, no podemos describir con precisión como funciona una molécula químicamente a menos que primero conozcamos su estructura". Hasta el año 2000 nadie fue capaz de proporcionar una estructura que mostrara cómo los átomos se encuentran dispuestos en los ribosomas.

### ***Ada Yonath: una pionera con determinación.***

A menudo un descubrimiento innovador proviene de un pionero que investiga territorios inexplorados. En este caso esa pionera fue **Ada Yonath**. Al final de la década de 1970, intentó generar estructuras cristalográficas de rayos X de los ribosomas. En este momento, sin embargo, la mayoría de las personas consideraban que esto era imposible.

En la cristalografía de rayos X, los científicos hacen incidir rayos X en un cristal de, por ejemplo, una proteína (figura 4). Cuando los rayos golpean los átomos del cristal son dispersados registrándose el resultado de esa dispersión. Anteriormente esto se lograba mediante una película fotográfica que era impresionada por los rayos X. Hoy en día se utilizan detectores CCD, los mismos que pueden encontrarse en las cámaras digitales (y que han sido objeto del Nobel de Física 2009). Analizando el patrón de dispersión obtenido los científicos pueden determinar cómo están colocados los átomos en una proteína.

Para que esto funcione el cristal tiene que ser casi perfecto, las moléculas deben de formar un patrón preciso que se repita una y otra vez.



**Figura 4.** Los rayos X empleados se obtienen a partir de sincrotrones en los cuales los electrones son acelerados hasta velocidades próximas a las de la luz. Cuando los rayos X inciden sobre un cristal son dispersados, produciendo millones de puntos en un detector CCD. Analizando este patrón los investigadores pueden determinar la posición de cada átomo en el ribosoma. Se requiere un software especial para visualizar el ribosoma (foto de la derecha)

Cuando el agua de una disolución de sal se deja evaporar lentamente, con un poco de suerte, se forman hermosos cristales de sal. Sin embargo, si un recipiente lleno de agua salada se somete a ebullición hasta sequedad, la sal sólo forma una capa bastante amorfa en el fondo del recipiente. Las diferentes condiciones en que se obtienen los cristales determinan, por tanto, que éstos sean

más o menos útiles. Esto se aplica también a los cristales para cristalografía de rayos X. Obtener cristales de alta calidad de una proteína puede ser una tarea complicada, y cuanto más compleja sea la proteína, más difícil es la tarea.

Por lo tanto, muchas personas veían con escepticismo el trabajo de Ada Yonath. Los ribosomas son uno de los complejos proteína/RNA más complicados. Un ribosoma está dividido en dos partes, "la subunidad pequeña" y "la subunidad grande". La subunidad pequeña en un ribosoma humano consiste en una gran molécula de ARN y alrededor de 32 proteínas. La subunidad grande consiste en tres de las moléculas de ARN y alrededor de 46 proteínas. Por lo tanto, cada una de las subunidades consta de miles de nucleótidos y miles de aminoácidos que, a su vez, están formados por cientos de miles de átomos. Ada Yonath pretendía establecer la ubicación exacta de todos y cada uno de estos átomos en los ribosomas.

### ***Manantiales calientes y el Mar Muerto: las condiciones más duras, lo mejores cristales.***

Cuando Ada Yonath decidió cristalizar los ribosomas se puso a trabajar con bacterias que viven bajo condiciones muy duras. El *Geobacillus stearothermophilus* puede vivir en manantiales calientes y sobrevive a temperaturas de hasta 75 °C. La hipótesis con la que trabajaba Ada Yonath era que, para poder soportar estas condiciones, sus ribosomas deberían de ser extremadamente estables, por lo que la posibilidad de obtener con ellos unos buenos cristales era grande.

En 1980 ya había conseguido generar los primeros cristales tridimensionales de la subunidad grande de los ribosomas. Este fue un gran logro, aunque los cristales distaban bastante de ser perfectos.

En realidad, restaban 20 años de duro trabajo antes de que Ada Yonath fuera capaz de generar una imagen de los ribosomas en la que se pudiera determinar la ubicación de cada átomo. Intentó muchas cosas nuevas. Por ejemplo, estabilizó los cristales congelándolos en nitrógeno líquido (a -196 ° C). También trató de cristalizar los ribosomas de otros microorganismos resistentes. Uno de ellos el *Haloarcula marismortui*, un gran amante de la sal, que vive en el Mar Muerto.

Paso a paso, Ada Yonath se iba acercando a la meta. Cuando finalmente se vio que los ribosomas podían ser estudiados, más científicos se unieron a la carrera. Entre ellos se encontraban **Thomas Steitz y Venkatraman Ramakrishnan.**

### ***Un patrón de millones de puntos negros lleno de significado***

A principios de la década de 1990 los cristales producidos por Ada Yonath tenían ya la calidad suficiente. El patrón de puntos negros tenía el detalle suficiente para poder determinar la ubicación de los átomos en el cristal. Sin embargo, aún había que salvar un obstáculo considerable. El "problema de la fase", común en la cristalografía de rayos X.

Con el fin de determinar la estructura de un patrón de puntos, los científicos necesitan conocer el "ángulo de fase" para cada punto. Esta información matemática está relacionada con la ubicación de los átomos en el cristal.

Un truco frecuentemente empleado por los científicos con el fin de determinar el ángulo de fase, consiste en empapar el cristal con átomos pesados, por ejemplo, mercurio. Los átomos pesados se acoplan a la superficie del cristal. Comparando los patrones de puntos de cristales con y sin átomos pesados, los científicos pueden establecer el ángulo de fase.

Sin embargo, como los ribosomas son tan grandes, se acoplaban demasiados átomos pesados al cristal y era difícil determinar el ángulo de fase. Se necesitaba, por tanto, información adicional para poder resolver el problema de la fase.

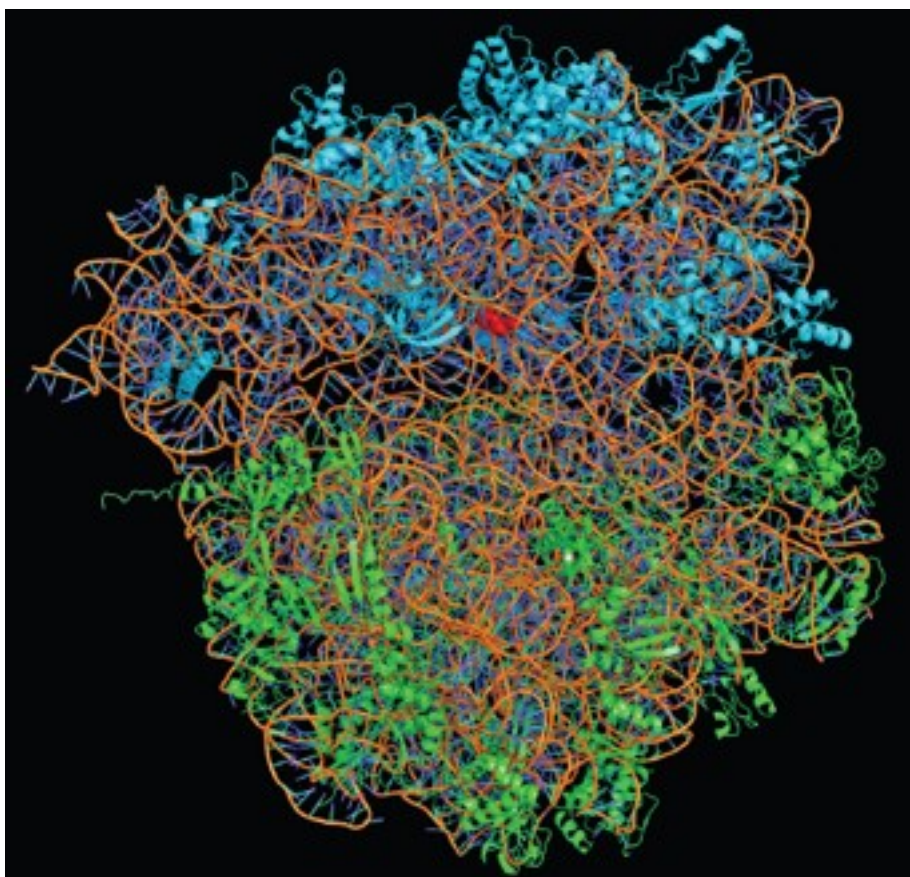
Fue Thomas Steitz, quien finalmente resolvió el problema. Usó imágenes de los ribosomas, generados por Joachim Frank, un especialista en microscopía electrónica. Con la ayuda de esas imá-

genes, Thomas Steitz podía averiguar la orientación de los ribosomas y localizarlos en el cristal (aunque la resolución no le permitía ver los átomos individuales). Esta información, junto con la información de los átomos pesados, permitió finalmente determinar el ángulo de fase.

### **La conclusión después de veinte años de trabajo**

En 1998, Thomas Steitz publicó la primera estructura del cristal de la subunidad grande de los ribosomas. Se parecía a una fotografía tenue con una resolución de 9 angströms (un angström equivale a una diezmillonésima de milímetro). No era posible ver átomos individuales, pero se podían detectar largas moléculas de ARN en los ribosomas. Esto fue un avance decisivo.

Ahora que el problema de la fase finalmente había sido resuelto, todo lo que quedó fue mejorar los cristales y recopilar más datos, a fin de aumentar la nitidez de la imagen. Los laureados con el Nobel de este año alcanzaron la meta casi simultáneamente. En agosto y septiembre de 2000, publicaron las estructuras de cristal con resoluciones que permitían la interpretación de las ubicaciones atómicas. Thomas Steitz logró obtener la estructura de la subunidad grande de *Haloarcula marismortui*. Ada Yonath y Venkatraman Ramakrishnan obtuvieron la estructura de la subunidad pequeña de *Thermus thermophilus*. Así fue posible detectar la funcionalidad de los ribosomas al nivel más básico, el nivel atómico.



**Figura 5.**

Estructura de un ribosoma obtenida con rayos X. Las moléculas de ARNr son las coloreadas de naranja, las proteínas de la subunidad pequeña de azul, y las proteínas de la subunidad grande de verde.

Una molécula de antibiótico (rojo) se enlaza a la subunidad pequeña. Los científicos estudian estas estructuras con el fin de diseñar nuevos y mejores antibióticos.

### **La subunidad pequeña: “el doble chequeo”**

Una propiedad de los ribosomas, que ha fascinado a los científicos durante mucho tiempo, es que rara vez se cometen errores cuando el DNA/RNA se traduce para formar una proteína. Si se comete un error al incorporar un aminoácido, la proteína puede perder totalmente su función, o quizás peor, realizar una función diferente.

La correcta selección del aminoácido depende, principalmente, de los pares de bases formados entre ARNt y ARNm (figura 3). Sin embargo, este proceso de emparejamiento no es suficiente para explicar la precisión de los ribosomas.

Las estructuras cristalinas de la subunidad pequeña de los ribosomas obtenidas por **Venkatraman Ramakrishnan** han sido cruciales para la comprensión de cómo los ribosomas logran esa precisión. Venkatraman identificó algo que podría ser descrito como un “comprobador molecular” (figura 3). Nucleótidos de la subunidad pequeña del ARNr miden la distancia entre el codón del ARNm y el anticodón del ARNt. Si la distancia es incorrecta la molécula de ARNt es expulsada del ribosoma.

Usando el comprobador dos veces, el ribosoma realiza un doble chequeo de que todo es correcto. De este modo se garantiza que los errores se producen sólo una vez por cada 100 000 aminoácidos

### ***El lugar de la subunidad grande en la cadena***

El papel de la subunidad grande en los ribosomas es, principalmente, sintetizar nuevas proteínas. Activa la formación de enlace peptídico entre los aminoácidos. Obtener una imagen paso a paso de la reacción química es muy difícil, ya que ocurre a nivel atómico y a una velocidad elevada. En un único ribosoma se pueden formar alrededor de 20 enlaces peptídicos por segundo.

Sin embargo, Thomas Steitz ha logrado congelar diferentes momentos de la reacción. Él ha cristalizado la subunidad grande con moléculas semejantes a las que están involucrados en la formación del enlace peptídico. Con la ayuda de estas estructuras, los científicos han podido determinar qué átomos de los ribosomas son importantes para la reacción, y cómo se produce ésta.

Los laureados con el Premio Nobel de Química 2009 han hecho posible la comprensión de cómo a nivel atómico la naturaleza puede transformar algo tan simple como un código de cuatro letras en algo tan complicado como la vida misma, justamente lo que James Watson predijo en 1964. Y la investigación, impulsada por la curiosidad, puede también, como tantas veces se ha demostrado, tener aplicaciones prácticas. Esta vez resulta útil en la búsqueda de nuevos antibióticos.

### ***Los ribosomas: objetivos de los nuevos antibióticos***

Hoy en día los seres humanos disponen de todo un arsenal de diferentes antibióticos que pueden utilizarse en la lucha contra las enfermedades producidas por bacterias. Muchos de estos antibióticos matan las bacterias mediante el bloqueo de las funciones de los ribosomas. Sin embargo, las bacterias se han hecho resistentes a la mayoría de estos fármacos a un ritmo ominoso. Por lo tanto, necesitamos nuevos fármacos.

Los tres laureados este año con el Premio Nobel de Química han producido estructuras que muestran cómo diferentes antibióticos actúan en los ribosomas. Algunos de ellos bloquean el túnel a través de la cual las proteínas sintetizadas dejan los ribosomas, otros previenen la formación del enlace peptídico entre los aminoácidos. Y otros bloquean la traducción desde el ADN/ARN a la proteína.

Varias empresas utilizan ahora las estructuras de los ribosomas con el fin de desarrollar nuevos antibióticos (figura 5). Algunos, que están actualmente en la fase de ensayos clínicos, tratan de resolver el problema de bacterias multirresistentes (por ejemplo, MRSA)

La comprensión de la estructura y la función de los ribosomas es de una enorme e inmediata utilidad a la humanidad. Los descubrimientos que han hecho Ada Yonath, Thomas Steitz y Venkatraman Ramakrishnan, son importantes para comprender cómo funcionan los procesos básicos de la vida con el fin de salvar vidas.



Nobel Prize® is a registered trademark of the Nobel Foundation.  
 Illustrations: ©Airi Iliste/The Royal Swedsh Academy of Sciences

## LINKS AND FURTHER READING

More information about this year's prizes, including a scientific background article in English, is to be found at the Royal Swedish Academy of Sciences' website <http://kva.se> and at <http://nobelprize.org> where you can also see the press conference as web-TV. Further information about exhibitions and activities concerning the Nobel Prizes is available at [www.nobelmuseum.se](http://www.nobelmuseum.se).

### Links

About the ribosome: [www.cytochemistry.net/cell-biology/ribosome.htm](http://www.cytochemistry.net/cell-biology/ribosome.htm)

About protein chrystallography:

[www.bio.davidson.edu/Courses/Molbio/MolStudents/spring2003/Kogoy/protein.html](http://www.bio.davidson.edu/Courses/Molbio/MolStudents/spring2003/Kogoy/protein.html)

About macromolecular X-ray chrystallography: [www-structmed.cimr.cam.ac.uk/Course/Overview/Overview.html](http://www-structmed.cimr.cam.ac.uk/Course/Overview/Overview.html)

Animations and images: see the Laureates web sites below.

### Books

Nierhaus K. H. and Wilson D. N. (2004) Protein synthesis and ribosome structure: translating the genome, *WILEY-VCH verlag GmbH&Co. KGaA*, Weinheim, 579 p.

Liljas A. (2004) Structural aspects of protein synthesis, *World Scientific Publishing Co. Pte. Ltd.*, Singapore, 308 p.

Walsh C. (2003) Antibiotics: actions, origins, resistance, *ASM Press*, Washington, 335 p.

<b>THE LAUREATES</b>		
<p><b>VENKATRAMAN RAMAKRISHNAN</b></p> <p>Structural Studies Division            MRC Laboratory of Molecular Biology            Hills Road Cambridge CB2 0QH,            England            UK</p> <p><a href="http://www.mrc-lmb.cam.ac.uk/ribo/homepage/ramak/index.html">www.mrc-lmb.cam.ac.uk/ribo/homepage/ramak/index.html</a></p> <p>US citizen. Born in 1952 in Chidambaram, Tamil Nadu, India. Ph.D. in Physics in 1976 from Ohio University, USA. Senior Scientist and Group Leader at Structural Studies Division, MRC Laboratory of Molecular Biology, Cambridge, UK.</p>	<p><b>THOMAS A. STEITZ</b></p> <p>Molecular Biophysics and Biochemistry Department Yale University            266 Whitney Avenue P.O. Box 208114            New Haven, CT 06520-8114 USA</p> <p><a href="http://www.mbb.yale.edu/faculty/pages/steitz.html">www.mbb.yale.edu/faculty/pages/steitz.html</a></p> <p>US citizen. Born in 1940 in Milwaukee, WI, USA. Ph.D. in Molecular Biology and Biochemistry in 1966 from Harvard University, USA. Sterling Professor of Molecular Biophysics and Biochemistry and Howard Hughes Medical Institute Investigator, both at Yale University, CT, USA</p>	<p><b>ADA E. YONATH</b></p> <p>Department of Structural Biology, Weizmann Institute of Science            76100 Rehovot            Israel</p> <p><a href="http://www.weizmann.ac.il/sb/faculty_pages/Yonath/home.html">www.weizmann.ac.il/sb/faculty_pages/Yonath/home.html</a></p> <p>Israeli citizen. Born in 1939 in Jerusalem, Israel. Ph.D. in X-ray Crystallography in 1968 from the Weizmann Institute of Science, Israel. Martin S. and Helen Kimmel Professor of Structural Biology and Director of Helen &amp; Milton A. Kimmel Center for Biomolecular Structure &amp; Assembly, both at the Weizmann Institute of Science, Rehovot, Israel.</p>