

Diseñaron una proteína artificial e inventaron un método de predicción de su estructura

Nobel de Química premia a científicos que lograron crear proteínas en un computador para curar enfermedades

MARCELO POBLETE

Los ganadores del Premio Nobel de Química 2024 transformaron nuestra comprensión y diseño de proteínas, con un gran potencial para la medicina y la biotecnología. David Baker desarrolló un método para crear nuevas proteínas de diseño computacional, mientras que Demis Hassabis y John Jumper, con su programa AlphaFold, crearon una inteligencia artificial (IA) que predice la estructura 3D de las proteínas y resolvió un problema científico que llevaba 50 años sin solución. Estos avances revolucionan los tratamientos personalizados y aceleran el desarrollo de tecnologías biológicas, todo gracias al trabajo centrado en los componentes básicos de la vida.

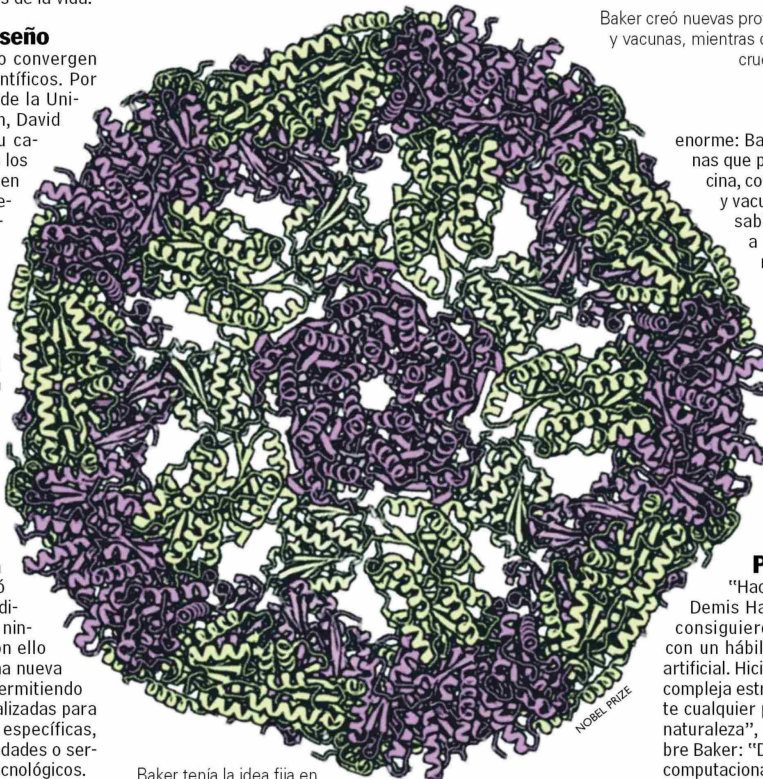
Su aporte permite "nuevos fármacos hasta mejoras en los procesos industriales", dice el investigador Desmond MacLeod-Carey.



Baker creó nuevas proteínas que pueden mejorar la medicina, como nuevos tratamientos y vacunas, mientras que Hassabis y Jumper ofrecieron a los científicos una herramienta crucial para investigar enfermedades y desarrollar terapias más rápido.

Proteínas de diseño

En el reconocimiento convergen los aportes de tres científicos. Por un lado, el bioquímico de la Universidad de Washington, David Baker, que comenzó su carrera desafiando uno de los problemas más difíciles en la ciencia moderna: diseñar proteínas completamente nuevas. Como es lógico, no era una meta fácil. Las proteínas son estructuras complejas compuestas de aminoácidos que se arman de manera tridimensional y su estructura y forma determinan su función (se unen o separan a otras estructuras como si fueran una llave con su cerradura). Durante años Baker tenía la idea fija en fabricar proteínas que no existen en la naturaleza y en 2003 lo logró: creó la primera proteína "de diseño", que no existía en ningún organismo vivo. Con ello sentó las bases para una nueva era en la bioquímica, permitiendo crear proteínas personalizadas para desempeñar funciones específicas, como combatir enfermedades o servir como sensores biotecnológicos.



Baker tenía la idea fija en fabricar proteínas que no existen en la naturaleza y en 2003 lo logró: creó la primera proteína "de diseño", que no existía en ningún organismo vivo. La imagen muestra una de las proteínas diseñadas y fabricadas por Baker.

Predicción con IA

Pero había otro enigma que revelar: ¿cómo predecir con precisión la estructura tridimensional de una proteína a partir de su secuencia de aminoácidos? Ahí Demis Hassabis y John Jumper, entraron en escena. Los dos trabajaban en DeepMind, una empresa de inteligencia artificial que se hizo famosa por vencer a

campeones de ajedrez y el juego de estrategia Go. En 2020, usaron su experiencia en IA para crear AlphaFold, un programa que predice la forma de las proteínas con una precisión nunca antes vista. Esto permitió conocer la estructura de casi 200 millones de proteínas, cambiando la biología molecular al ofrecer una forma rápida y precisa de estudiarlas. El impacto fue

enorme: Baker creó nuevas proteínas que pueden mejorar la medicina, como nuevos tratamientos y vacunas, mientras que Hassabis y Jumper ofrecieron a los científicos una herramienta crucial para investigar enfermedades y desarrollar terapias más rápido (las proteínas de Baker han sido la base de varios tratamientos médicos potenciales, como un aerosol nasal antiviral para la Covid-19 y un medicamento para la enfermedad celíaca).

Posibilidades

"Hace cuatro años, en 2020, Demis Hassabis y John Jumper consiguieron descifrar el código con un hábil uso de la inteligencia artificial. Hicieron posible predecir la compleja estructura de prácticamente cualquier proteína conocida en la naturaleza", dijo Linke, y agregó sobre Baker: "Desarrolló herramientas computacionales que ahora permiten a los científicos diseñar nuevas proteínas espectaculares con formas y funciones totalmente novedosas, abriendo un sinnúmero de posibilidades para el mayor beneficio de la humanidad".

Inmediato

Gino Nardocci, investigador del Centro de Investigación e Innovación Biomédica de la Universidad de

los Andes, considera que este Premio Nobel de Química destaca por su innovación en el uso de la inteligencia artificial y el diseño computacional. Según Nardocci, lo más notable es el impacto que estos avances ya están teniendo en campos como la medicina personalizada y la biotecnología industrial. "La capacidad de diseñar y predecir proteínas", explica, "abre nuevas posibilidades que tendrán consecuencias a largo plazo, no solo en la salud humana, sino también en la sostenibilidad del planeta". Para él, el premio no solo reconoce un avance en el conocimiento teórico, sino que sus aplicaciones prácticas ya están beneficiando la ciencia y la tecnología de manera inmediata, "desde el desarrollo de nuevos fármacos hasta mejoras en los procesos industriales".

Métodos

Desmond MacLeod-Carey, investigador del Instituto de Ciencias Aplicadas de la Universidad Autónoma, explica que las proteínas, esenciales para la vida, necesitan plegarse correctamente para cumplir su función, como reconocer fármacos u hormonas. Según él, la diferencia en los métodos radica en que David Baker utilizó un enfoque computacional específico, "el método de difusión-colisión", que permite predecir cómo se plegarán las proteínas y cuántas variaciones podrían formarse. En cambio, los avances de Hassabis y Jumper emplearon inteligencia artificial para realizar predicciones estructurales masivas, "logrando resolver estructuras a gran escala", destaca.