



La Inteligencia Artificial ya tiene un Nobel de Química en 2024

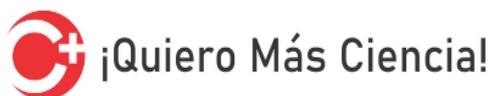
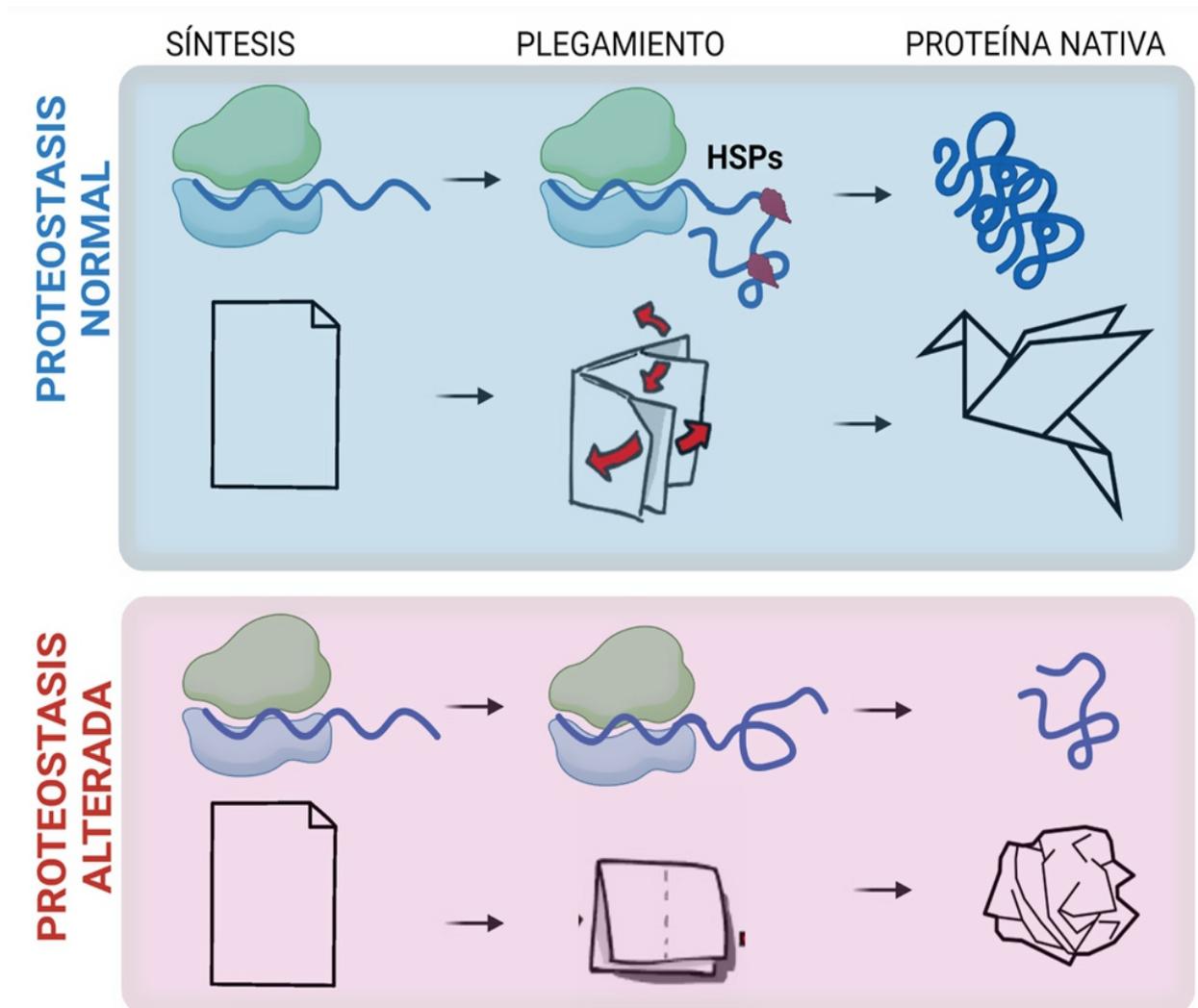
Description

AlphaFold, un sistema de Inteligencia Artificial, permitió predecir con precisión cómo se pliegan las proteínas, una innovación reconocida con el Premio Nobel de Química 2024.

CONTENIDOS

Inteligencia Artificial contribuyó al Nobel de Química: La biología molecular se reinventa

El [Premio Nobel de Química 2024 reconoció avances en el estudio del plegamiento de proteínas](#) usando inteligencia artificial. Predecir la estructura 3D de las proteínas ha sido uno de los problemas más complejos en biología molecular. Las proteínas son esenciales para todas las funciones biológicas, y sus formas determinan cómo actúan en el cuerpo. Entender estas formas es crucial para la medicina y la biotecnología. Gracias a los laureados de este año, se ha dado un paso significativo hacia la comprensión de cómo se pliegan las proteínas. **“Hemos abierto una nueva puerta en la biología estructural”, comentó Jumper.** Su investigación, publicada en *Nature*, cambia la manera en que los científicos estudian las proteínas.



Gracias a la Inteligencia Artificial, los ganadores del Premio Nobel de Química lograron revolucionar el entendimiento del plegamiento de proteínas, resolviendo un antiguo problema biológico.

Inteligencia Artificial obtiene un Nobel de Química: El papel fundamental de las proteínas

Las proteínas son fundamentales para la vida. Son cadenas de aminoácidos que se pliegan en formas tridimensionales específicas. Este proceso de plegamiento es lo que determina su función dentro de las células. Si una proteína se pliega de manera incorrecta, puede ocasionar enfermedades graves como el Alzheimer, la fibrosis quística o incluso ciertos tipos de cáncer. Hasta hace poco, predecir cómo se plegarían estas moléculas complejas era un desafío casi imposible. Los científicos dependían de experimentos largos y costosos. Sin embargo, con la llegada de la [inteligencia artificial](#) y su capacidad para procesar enormes cantidades de datos, se ha

encontrado una solución que transforma por completo el panorama.

La inteligencia artificial aplicada al plegamiento de proteínas

Demis Hassabis, John Jumper y [David Baker](#) fueron premiados por sus aportes al uso de inteligencia artificial para predecir la estructura de las proteínas Demis Hassabis, John Jumper y David Baker. **“El aprendizaje automático ha permitido a la biología estructural avanzar a pasos agigantados”, explicó Baker.** El sistema AlphaFold de [DeepMind](#), entrenado con una vasta base de datos de estructuras conocidas, ha logrado predecir la forma de las proteínas con una precisión sin precedentes. Esto, ha sido fundamental para disminuir el tiempo y los costes vinculados a los métodos convencionales. La comunidad científica ha adoptado rápidamente este enfoque revolucionario, acelerando el descubrimiento de fármacos y el estudio de las enfermedades.

Te Puede Interesar:

El impacto de AlphaFold en la investigación biológica

El equipo de DeepMind desarrolló AlphaFold para resolver un problema largamente postergado: cómo las proteínas adoptan sus formas tridimensionales. Utilizando técnicas de aprendizaje profundo, AlphaFold es capaz de predecir con exactitud las formas de las proteínas basándose en sus secuencias de aminoácidos. **“Este avance es como tener una ventana directa al mundo molecular”, afirmó Jumper.** Los investigadores entrenaron la IA con millones de datos sobre estructuras de proteínas conocidas, lo que le permitió generalizar sus predicciones con una precisión sin igual. Fue fundamental este desarrollo para acelerar proyectos en biotecnología y medicina, con implicaciones inmediatas en el diseño de tratamientos.

Nuevos horizontes en el diseño de fármacos

El conocimiento profundo de las formas de las proteínas permite diseñar fármacos mucho más eficaces. Con AlphaFold, los científicos pueden identificar los puntos clave donde pequeñas moléculas pueden unirse a las proteínas para alterar sus funciones. Esto fue particularmente útil en la creación de nuevos [tratamientos para enfermedades como el cáncer](#) o la diabetes. **“AlphaFold ha marcado el comienzo de una nueva era para la biología estructural”, afirmó Hassabis.** Con el uso de esta tecnología, los laboratorios pueden desarrollar terapias más específicas y eficaces, abriendo un abanico de posibilidades para el tratamiento de enfermedades que antes eran difíciles de abordar.



La Inteligencia Artificial aplicada a la biología estructural, específicamente al plegamiento de proteínas, fue premiada con el Nobel de Química por su contribución al conocimiento científico.

Para seguir pensando

David Baker y su equipo de la Universidad de Washington han ido un paso más allá. Con la IA, han desarrollado proteínas completamente nuevas, que no existen en la naturaleza. **“Estamos diseñando proteínas con características específicas, capaces de realizar funciones que ninguna proteína natural podría”, explicó Baker.** Este enfoque, conocido como *“alucinación proteica”*, ha llevado a la creación de enzimas personalizadas para aplicaciones específicas en medicina y biotecnología. Estos avances continúan expandiendo

el [potencial de la investigación biológica](#) y la ingeniería de proteínas, con aplicaciones inmediatas en el diseño de tratamientos médicos más precisos y efectivos.