

Investigadores mendocinos adoptaron los avances del Nobel de Química 2024: para qué los están aplicando

14/11/2024



El Nobel de Química reconoció este año desarrollos pioneros en **biología computacional** que revolucionan la predicción y diseño de proteínas, herramientas clave que ya están siendo utilizadas por científicos del Instituto de Histología y Embriología de Mendoza (IHEM, CONICET-UNCuyo).

Claudia Tomes y Mariano Polo, investigadores de la institución, explicaron cómo estas innovaciones impulsan sus estudios y **abren nuevas fronteras en la biomedicina**.

Qué premió el Nobel de Química 2024

El galardón de 2024 fue otorgado a tres investigadores cuyos aportes en biología computacional han transformado la manera de estudiar las proteínas. La mitad del premio fue para el británico Demis Hassabis y el estadounidense John M. Jumper,

de Google DeepMind, por su modelo de inteligencia artificial AlphaFold2, que permite predecir la estructura tridimensional de proteínas a partir de su secuencia genética. Este avance resuelve un problema científico de más de 50 años.

La otra mitad del premio fue para el estadounidense David Baker, quien desarrolló técnicas de diseño computacional de proteínas con amplias aplicaciones en biotecnología y medicina.

La innovación mendocina: toxinas botulínicas modificadas

En Mendoza, el equipo del IHEM ha aprovechado estos avances para diseñar una toxina botulínica modificada, con aplicaciones potenciales en la biomedicina. Claudia Tomes, directora del instituto, explicó que el equipo logró sintetizar una versión segura de la toxina en una bacteria fácil de cultivar, permitiendo su manipulación bajo normas de bioseguridad estándar. La estructura de esta proteína fue predicha usando RoseTTAFold, una herramienta desarrollada por el equipo del Dr. Baker.



La Dr. Claudia Tomes y la Dr. Micaela Buzzatto en el laboratorio del IHEM

“La predicción precisa de la estructura proteica nos permitió comprobar que la versión modificada mantenía su función original sin los riesgos asociados a la toxina natural. Publicamos estos hallazgos en la prestigiosa revista *Bioscience Reports*,” detalló Tomes.

En qué se puede aplicar el desarrollo

Mariano Polo, investigador del IHEM, destacó que la tecnología

empleada por su equipo se vincula con los trabajos de los recientes ganadores del Nobel. “La capacidad de predecir estructuras proteicas nos permitió validar nuestras modificaciones y estudiar **procesos celulares clave**. Aunque no usamos los sistemas avanzados de diseño de proteínas al inicio, la predicción estructural fue crucial para el desarrollo de nuestro proyecto,” explicó.

En la actualidad, el equipo de Polo está implementando técnicas de diseño de proteínas mediante inteligencia artificial, lo que abre un abanico de posibilidades para el futuro de la medicina y la biotecnología. “Estas herramientas podrían permitirnos desarrollar medicamentos más efectivos y personalizados, así como crear proteínas diseñadas para objetivos terapéuticos específicos. **Además, vislumbramos aplicaciones fuera del ámbito médico, como la biorremediación de derrames o la degradación de plásticos,**” afirmó el investigador.

Tomes subrayó la importancia de liderar un laboratorio en esta era de rápidas innovaciones tecnológicas. “Es inusual que los premios Nobel se otorguen tan poco tiempo después de los descubrimientos. En este caso, se reconocieron avances recientes, cuyos algoritmos están disponibles como código abierto. Que el Dr. Polo haya detectado y aplicado estas herramientas antes del anuncio del Nobel demuestra que los investigadores del CONICET y la UNCUYO estamos al frente de estas disciplinas,” comentó la directora del IHEM.

Fuente: Conicet y El Sol:
<https://www.elsol.com.ar/mendoza/investigadores-mendocinos-adoptaron-los-avances-del-nobel-de-quimica-2024-para-que-los-estan-aplicando/>