

La Revolución Biotecnológica

La Inteligencia Artificial esta eclosionando en estos días de la mano de [AlphaFold y DeepMind](#).

AlphaFold, la aplicación de DeepMind en biotecnología, ha demostrado su éxito para la simulación de estructuras tridimensionales a partir de secuencias de aminoácidos. Así mismo [NAbS Project](#), mediante un algoritmo de Inteligencia Artificial Avanzada ([IXR](#)) ha logrado optimizar la energía de interacción entre dos proteínas mediante mutagénesis dirigida.

Ambas tecnologías obtienen resultados en días en lugar de en años. Esto es un avance para la medicina solo equiparable al descubrimiento de las vacunas.

Qué duda cabe que las vacunas han supuesto un antes y un después en la medicina y en general para toda la humanidad. Gracias a ellas muchas enfermedades mortales han sido erradicadas o las pasamos de manera leve. No obstante, de los virus en realidad aún sabemos muy poco y no estamos prevenidos para una posible pandemia, como así hemos atestiguado durante el año 2020.

Los virus, como todos los microorganismos, están formados por proteínas, las cuales no son más que una cadena de aminoácidos que se pliega de infinidad de formas según sea su secuencia. Es lo que se conoce como [plegamiento de proteínas \(Protein Folding\)](#).

AlphaFold es capaz de predecir con gran exactitud la forma que va a adoptar una secuencia de aminoácidos en apenas unos minutos empleando un supercomputador. Conocer con exactitud la forma tridimensional de átomos que una secuencia de aminoácidos va a producir sin tener que sintetizarla en el laboratorio, aislarla, purificarla y radiografiarla supone un ahorro en materiales, recursos humanos y tiempo incalculable.

No obstante, si queremos saber la secuencia primaria para lograr una forma concreta, tendremos que realizar diferentes combinaciones de secuencias hasta dar con la que más se parezca.

Si tenemos en cuenta que por cada posición de la secuencia tenemos 20 posibles aminoácidos, para tan solo una secuencia de 10 posiciones, tendremos 20^{10} , es decir 10 billones (un 10 seguido de 12 ceros) secuencias diferentes a explorar. Si con el mayor computador del mundo usando AlphaFold necesitamos tan solo 1 minuto por secuencia, para calcular esos 10 billones de secuencias necesitaremos 10 billones de minutos, lo que viene a ser unos 19 millones de años.

Empleando AlphaFold no podríamos predecir qué mutación es la que produce una estructura concreta o similar en un tiempo razonable, ni siquiera con toda la capacidad computacional de DeepMind.

Morphind, el sistema desarrollado por [Ixilka Research Technologies](#), basado en una Red Neuronal de Convolución de aprendizaje no guiado, es capaz de reducir el número de simulaciones que se deben realizar con AlphaFold, para lograr una secuencia primaria que se ajuste a la forma deseada en tan solo unos días.

Esta tecnología permitirá crear fármacos a la medida de cualquier necesidad, algo que supone una revolución en medicina de proporciones históricas.

Bienvenidos al futuro ...