

## “Estamos al principio de una revolución”: Daniel Silva, el mexicano junto al Nobel de Química

El investigador trabaja desde hace una década con David Baker, galardonado por el diseño de proteínas por computación, un descubrimiento que promete transformar el futuro de la ciencia y la medicina



CORTESÍA: EL PAÍS

El País

13/10/2024 - 13:43 h CET

Elías Camhaji

13/10/2024 - 13:43 h CET

El **Nobel de Química de 2024** ha sido para tres investigadores que revelaron el secreto detrás de las proteínas, claves para entender cómo funciona la vida. Una mitad fue para Demis Hassabis y John Humper, dos científicos que desarrollaron un

modelo de inteligencia artificial financiado por Google, que permite predecir las estructuras complejas de las proteínas, un misterio que no había sido resuelto en más de 50 años. La otra mitad fue para David Baker, pionero en el diseño de proteínas por computación, una tarea que parecía prácticamente imposible hace tan sólo unos años.

Esa parte del galardón también llena de orgullo a México. El científico **Daniel Silva (Ciudad de México, 44 años)** ha colaborado con Baker durante más de 10 años, primero en el laboratorio de la Universidad de Washington y ahora como cofundador y director de Monod Bio, una compañía que promete transformar el futuro de la ciencia y la medicina. “Lo que hacemos es transformar estos fantásticos conceptos científicos en productos que cambien la vida de las personas”, afirma Silva en entrevista. La tecnología de Baker ya está siendo aplicada para crear vacunas más eficientes y seguras o medicamentos contra el dolor que no causen adicción, a pesar de que las moléculas que los componen no existen en la naturaleza. “Estamos al principio de una revolución”, explica el doctor en Bioquímica.

Silva supo que quería convertirse en científico después de leer un artículo en la revista Muy Interesante sobre el ADN. Entró a la **Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM)** en 1999, en plena huelga y aún recuerda cómo se saltaba la

## También se buscó

Premio Nobel de la Paz 2024, un llamado contra el uso de armas nucleares

---

Baker en una charla que dio hace 20 años en la UNAM, cuando todavía estudiaba la licenciatura.

para la poeta y novelista Han Kang

---

Al ver su interés, el **Nobel de Química** le enseñó ese mismo día a usar Rosetta, el software que había desarrollado, y pocos días después, se lo encontró por casualidad mientras estaba de vacaciones con su familia en Oaxaca. Ahí mismo, Silva le pidió una oportunidad. “Después, me confesó que pensaba que lo había ido a perseguir durante sus vacaciones”, cuenta entre risas. Acabó trabajando con él casi 10 años más tarde, después de obtener su doctorado en México y tener una estancia posdoctoral en Hong Kong. “Lo busqué y le pregunté si se acordaba de mí”. Así se integró al equipo que recibió el Nobel este año.

**Pregunta.** ¿Cómo explicaría lo que significa este descubrimiento?

**Respuesta.** Primero hay que entender qué es una proteína. El paradigma de la biología molecular parte de que tenemos ADN. [El ADN guarda información](#) en segmentos de secuencias codificantes llamados genes. Los genes se transforman dentro de las células en proteínas. Aquí es donde las cosas se ponen súper interesantes, porque las proteínas son, a su vez, secuencias de aminoácidos y solo hay veinte.

Imagínate que te dijera que hay una tienda, donde lo único que hay son veinte materiales distintos, como si fueran Legos. La idea es que dependiendo de en qué orden los pones, cuando están completos, se van a construir ellos mismos en algo que tiene una función compleja. De pronto, se convierten en una bicicleta, pero si los pones en otro orden se vuelven una casa o un poste. Ahora imagínate esto a una escala microscópica, dentro de las proteínas.

Todas las funciones que tenemos dentro de nosotros, incluyendo los anticuerpos

que nos defienden de las enfermedades, son proteínas. La naturaleza trabaja con proteínas, que han evolucionado en todas estas funciones. Pero nosotros también tenemos la capacidad de sintetizar proteínas y otros tipos de células. La pregunta es qué pasaría si pudiéramos entender cómo funcionan y diseñar secuencias de proteínas que hagan cosas nuevas. David básicamente inventó el campo en 2003, al demostrar por primera vez que era posible diseñar una proteína en la computadora. Si logramos hacer esto de manera rutinaria, podríamos tener proteínas con fines terapéuticos o diagnósticos. La promesa es tremenda porque las proteínas pueden hacer básicamente cualquier función que te puedas imaginar.

**P.** Este problema era un misterio que duró más de 50 años, ¿por qué fue tan complicado descifrarlo?

**R.** Porque cuando se dieron cuenta de que solo había 20 aminoácidos y de que las proteínas son de un tamaño finito, los científicos pensaron que tenía que haber reglas que explicaran cómo funciona y creyeron que iba a ser fácil. Pero rápidamente se dieron cuenta de que el número de combinaciones era enorme, porque importa también la rotación de las moléculas, cómo se pliegan y la orientación que tienen.

La mayoría de las proteínas funcionales que existen están formadas por 100 o más aminoácidos. Las combinaciones son tremendas y no se pueden calcular con los métodos normales de la Física. Entonces, la gente empezó a utilizar lo que se conoce como métodos heurísticos, que son métodos computacionales de entrenamiento de máquinas, pero sin la parte de inteligencia artificial. Y hubo progresos, pero seguíamos tratando de descubrir cómo funcionan estas cosas y cuáles eran las reglas para simplificar el modelado de cómo se pliegan las proteínas.

Lo que la inteligencia artificial fue capaz de hacer fue decir “bueno, mejor no vamos a investigar cada una de esas reglas”, sino que vamos a entrenar a una máquina para que aprenda un modelo que explique esto. La otra parte del Nobel fue dada a los investigadores de Google que inventaron el primer algoritmo con inteligencia artificial que permite plegar las proteínas. Y una vez que tienes esto, el problema inverso sobre cómo se pueden crear proteínas se

resuelve, porque cuando diseñas una proteína puedes verificar si se está plegando de la manera correcta y entender un modelo de inteligencia artificial para hacerlo. Fue un problema que se solucionó a sí mismo cuando todo eso vino y simplificó todo. Lo que hicieron ellos y lo que hizo Baker son dos caras de la misma moneda.

**P.** ¿Cómo va a impactar este descubrimiento en la vida de las personas?

**R.** Creo que se dará de forma progresiva. Es muy probable que los primeros lugares donde veremos estas proteínas cambiando nuestras vidas serán los diagnósticos y tratamientos. Las medicinas más avanzadas están basadas en proteínas, pero estas proteínas vienen de la naturaleza.

Con este avance vamos a dar el siguiente paso. Vamos a diseñar nuestras proteínas en la computadora. Hay anticuerpos naturales que son fantásticos, pero no tienen todas las propiedades que quisiéramos. El gran sueño es ser capaces de diseñar proteínas que tengan las propiedades ideales y que, por lo tanto, sean más efectivas. Hay también tratamientos que quisiéramos que existieran, pero ha sido imposible

## También se buscó

David Baker, Demis Hassabis y John Jumper se llevan el Premio Nobel de Química 2024

El Premio Nobel de Medicina y Fisiología 2024 es para Victor Ambros y Gary Ruvkun

crear anticuerpos contra esas moléculas. Esas son cosas que ya podemos diseñar y hacer que funcionen.

Podemos también pensar en proteínas que nos ayuden a hacer mejores diagnósticos. Incluso, podemos pensar en un siguiente nivel: puedes crear enzimas para biotecnología o biorremediación y hacer plantas que tengan un mayor valor nutritivo o crear materiales con proteínas que tengan funciones. Parece increíble, pero creo que va a pasar en nuestro tiempo de vida. Ser capaces de controlar y hacer esto es sólo el principio.



CORTESÍA: EL PAÍS

**P.** ¿Usted diría que estamos a las puertas de una revolución tecnológica o que esa revolución ya comenzó?

**R.** Creo que estamos en un momento en el que todo va a cambiar. David empezó esto en 2003 y le ha tomado 20 años llevarlo hasta aquí. Hay una comunidad grande de personas que ya está haciendo lo mismo que nosotros, algunos entrenados por él y otros de manera independiente. Antes, esto era algo difícil de hacer y limitado a ciertos grupos selectos que tenían el conocimiento y los recursos. Ahora, se está convirtiendo en algo para lo que ya no necesitas ser un experto o un ingeniero de proteínas para hacerlo. El software está ahí, lo puedes utilizar. Los principios se pueden explicar y son fáciles de entender.

Creo que va a pasar lo mismo que sucedió cuando varias compañías de software empezaron a poner herramientas muy poderosas de diseño en las manos de todos. De pronto, aparecieron diseñadores en todos lados y algunos hicieron cosas increíbles. Realmente pienso que estamos al principio de una revolución.

**P.** Todavía existen muchas reservas frente a la inteligencia artificial. ¿Hay riesgos de que esta tecnología caiga en las manos equivocadas?

**R.** Siempre he pensado que la mejor manera de evitarlo es poner esta tecnología en las manos de todos. No creo que sea algo que se pueda detener. De cualquier forma, el riesgo en el diseño de proteínas es muy bajo y los beneficios son mucho mayores que los posibles daños. Cuando Google resolvió el problema del plegamiento de

proteínas tenían dos caminos: podían haberlo mantenido para ellos, como si fuera la “receta secreta”, o ponerlo en las manos de todos. Y sorprendentemente, decidió ofrecerlo a todos, sin restricciones.

Creo que todos los avances científicos importantes tienen el riesgo de ser utilizados de manera incorrecta, pero soy un ferviente creyente de la humanidad y la sociedad. Y creo que encontraremos formas de regular esto para tratar de disminuir esos riesgos.

**P.** ¿Qué cambia después del Nobel?

**R.** El nivel de interés. Más gente sabrá que esto existe y se preguntará si el campo de diseño de proteínas está realmente listo para que ellos empiecen a hacerlo también. Va a cambiar radicalmente el entusiasmo y la cantidad de recursos en el campo. Probablemente, alguien en el Gobierno lea esto y se dé cuenta de que vale la pena invertir en investigación sobre proteínas en México.

**P.** A lo mejor lo ve un chavo que quiera convertirse en científico...

**R.** Sí, ojalá que sea más de uno. Tenemos grandes científicos en México, lo que falta son los recursos. Pero esto cambia con esta ciencia. Es mucho más barata y eficiente. No se necesita tanto y con el tiempo, cada vez te vas volviendo mejor y puedes hacer mejores productos. Toda la gente que va a venir en masa a este campo va a acelerar todo tremendamente.

[Síguenos en Google News y encuentra más información](#)

---

## ÚLTIMAS NOTICIAS.

Senado lanza convocatoria para elección judicial

Decretan paro indefinido en sedes del Poder Judicial Federal en CDMX

García Luna acusa a AMLO de destruir al PJF y niega nexos con el narco

Acuerda Gobierno y empresas de EU inversión extranjera de 20 mil mdd

1 de cada 3 mujeres sufrieron agresiones de sus parejas alcoholizadas

Gaby Osorio refuerza servicios en Tlalpan

---

## LO MÁS LEÍDO

Detienen a grupo delictivo 'Los Talibanes' en el Edomex

05/12/2011