

Discurso de aceptación

20 de junio de 2023

David Baker, galardonado en la categoría de *Biología y Biomedicina (XV edición)*

Las proteínas cubren prácticamente todas las funciones primordiales de nuestro organismo y de todos los seres vivos: digieren los alimentos, activan las neuronas, producen nuestras moléculas y permiten movernos.

Si bien es cierto que las proteínas de nuestro cuerpo y su entorno son increíbles, todas ellas han evolucionado para resolver problemas que eran importantes en el curso de la selección natural, por ejemplo, huir de los depredadores o intervenir en los procesos de pensamiento de nuestro cerebro.

El mundo en que hoy vivimos es muy diferente. Ahora vivimos más años, y por ello nuevas afecciones, como la enfermedad de Alzheimer, son importantes. Estamos calentando y contaminando el planeta, por lo que necesitamos encontrar formas más limpias de generar energía y descomponer los plásticos y compuestos tóxicos.

Podríamos esperar a la evolución de nuevas proteínas, pero eso llevaría muchos millones de años, y no tenemos tanto tiempo.

Para hacer frente a los nuevos retos, mis colegas y yo hemos desarrollado métodos para diseñar proteínas completamente nuevas capaces de resolver los nuevos problemas. Estamos utilizando estos métodos para desarrollar curas contra el cáncer y las enfermedades infecciosas, entre otras dolencias, y también nuevos materiales y tecnologías avanzadas para un mañana más sostenible.

En la naturaleza, las proteínas están codificadas en los genes de nuestro genoma y el de otros seres vivos. Una vez que hemos diseñado una proteína nueva, creamos un gen sintético que la codifica (puesto que la proteína es nueva, su correspondiente gen no existe en la naturaleza) y lo introducimos en bacterias que, a continuación, producen la proteína diseñada. Luego extraemos la proteína y la sometemos a prueba para ver si cumple la función para la que la hemos diseñado. Ya hemos diseñado y probado experimentalmente cientos de miles de proteínas nuevas que resuelven una amplia gama de problemas. Una de ellas es ya un medicamento aprobado clínicamente, y hay más en camino.

Las proteínas están compuestas por miles de átomos, y primeramente diseñamos proteínas procurando modelizar con precisión las interacciones entre esos átomos y la manera en que esas interacciones dirigen el proceso por el que la secuencia de aminoácidos única de una proteína alcanza su estructura tridimensional plegada final. En los últimos años, hemos desarrollado métodos de aprendizaje profundo, mucho más rápidos y precisos, para el diseño de proteínas. Tanto nuestro antiguo método de modelado de interacciones atómicas, denominado Rosetta, como nuestros métodos de diseño más recientes de aprendizaje profundo se han adoptado en todo el mundo.

Los avances logrados hasta la fecha por mi equipo y nuestros numerosos colaboradores de todas partes del mundo han sido fruto del trabajo conjunto de cientos de brillantes investigadores. A ellos debo mi más honda gratitud; este premio es tanto suyo como mío.

Gracias a la Fundación BBVA y a todos los aquí presentes por este honor y por su apoyo; prometemos no dejar de explorar y divulgar nuestros resultados ni un solo día.