

Nobelpriset i kemi 2024

Kungl. Vetenskapsakademien har beslutat utdela Nobelpriset i kemi 2024 med ena hälften till och med andra hälften gemensamt till

David Baker

University of Washington, Seattle, WA, USA
Howard Hughes Medical Institute, USA

Demis Hassabis

Google DeepMind, London, Storbritannien

John M. Jumper

Google DeepMind, London, Storbritannien

”för datorbaserad proteindesign”

”för proteinstrukturprediktion”

De har knäckt koden för proteinernas märkliga strukturer

Nobelpriset i kemi 2024 handlar om proteiner, livets geniala kemiska multiverktyg. David Baker har lyckats med det nästan omöjliga konststycket att bygga nya proteiner. Demis Hassabis och John Jumper har med hjälp av en AI-modell löst ett 50 år gammalt problem: att förutspå proteiners komplexa strukturer. Potentialen i dessa upptäckter är enorm.

Livets mångfald vittnar om vilka enastående kemiska verktyg proteiner är. De kontrollerar och driver alla de kemiska reaktioner som tillsammans ger liv. Proteiner fungerar även som hormoner, signalämnen, antikroppar och byggstenar i olika vävnader.

– Årets ena upptäckt handlar om att bygga egna spektakulära proteiner. Den andra om att uppnå en 50 år gammal dröm: att kunna förutsäga proteiners struktur utifrån deras sekvenser av aminosyror. Båda upptäckterna öppnar för oändliga möjligheter, säger Heiner Linke, ordförande för Nobelkommittén för kemi.

Proteiner består av 20 olika sorters aminosyror, som kan beskrivas som livets byggsats. År 2003 lyckades **David Baker** med konststycket att med denna byggsats som grund, designa ett nytt protein som var olikt alla kända proteiner. Sedan dess har hans forskargrupp tagit fram den ena mer fantasifulla proteinkreationen efter den andra, bland annat proteiner som kan fungera som läkemedel, vaccin, nanomaterial och minimala sensorer.

Den andra upptäckten handlar om att kunna förutspå hur proteiner ser ut. I ett protein är aminosyror

sammanlänkade i långa strängar, som veckar sig till en tredimensionell struktur. Denna struktur är avgörande för proteinets funktion. Sedan 1970-talet har forskare försökt förutsäga proteiners strukturer utifrån sekvensen av aminosyror, men det har varit notoriskt svårt. För fyra år sedan skedde dock ett gigantiskt genombrott.

År 2020 presenterade **Demis Hassabis** och **John Jumper** en AI-modell kallad AlphaFold2. Med hjälp av den har de kunnat förutspå strukturen för i princip alla de 200 miljoner proteiner som forskare känner till. Sedan genombrottet har AlphaFold2 använts av mer än två miljoner personer från 190 länder. Bland väldigt mycket annat, kan forskare bättre förstå antibiotikaresistens och skapa bilder av enzymer som kan bryta ner plast.

Utän proteiner hade livet inte existerat. Att vi nu kan förutsäga hur proteiner får sin struktur och designa egna varianter gör mänskligheten den största nytta.

David Baker, född 1962 (62 år) i Seattle, WA, USA. Fil.dr 1989 vid University of California, Berkeley, CA, USA. Professor vid University of Washington, Seattle, WA, USA och Investigator, Howard Hughes Medical Institute, USA.

Demis Hassabis, född 1976 (48 år) i London, Storbritannien. Fil.dr 2009 vid University College London, Storbritannien. VD för Google DeepMind, London, Storbritannien.

John M. Jumper, född 1985 (39 år) i Little Rock, AR, USA. Fil.dr 2017 vid University of Chicago, IL, USA. Senior Research Scientist på Google DeepMind, London, Storbritannien.

Prissumma: 11 miljoner svenska kronor, med ena hälften till David Baker och med andra hälften gemensamt till Demis Hassabis och John Jumper.

Mer information: www.kva.se och www.nobelprize.org

Presskontakt: Eva Nevelius, pressansvarig, 070-878 67 63, eva.nevelius@kva.se

Sakkunnig: Johan Åqvist, 070-425 04 04, johan.aqvist@icm.uu.se, ledamot av Nobelkommittén för kemi

Kungl. Vetenskapsakademien, stiftad år 1739, är en oberoende organisation som har till uppgift att främja vetenskaperna och stärka deras inflytande i samhället. Akademien tar särskilt ansvar för naturvetenskap och matematik, men strävar efter att öka utbytet mellan olika discipliner.