

La revoluci3n del c3digo abierto del MIT en el modelado biomolecular

Descripci3n

Los investigadores del MIT han presentado Boltz-1, un innovador modelo de c3digo abierto que logra una precisi3n de nivel AlphaFold3 en la predicci3n de estructuras biomoleculares.

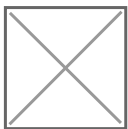
Publicado bajo la licencia MIT, hace que el modelado biomolecular de alta precisi3n sea accesible a investigadores de todo el mundo.

Los resultados son impresionantes:

- LDDT-PLI: 65% (en comparaci3n con el 40% de Chai-1)
- Tasa de 3xito de DockQ: 83% (superando el 76% de Chai-1)
- Mejoras significativas en la predicci3n del complejo prote3na-ligando

Boltz-1 trae las siguientes caracter3sticas:

- Disponibilidad total de c3digo abierto bajo licencia MIT
- Coincidencia de precisi3n de nivel AlphaFold3
- Nuevos algoritmos de emparejamiento de MSA
- Modelado de confianza mejorado



Boltz-1 logr3 una tasa de 3xito del 83% en la predicci3n de la estructura, superando significativamente a los modelos anteriores. Este nivel de precisi3n, combinado con su naturaleza de c3digo abierto, podr3a acelerar dr3sticamente el descubrimiento de f3rmacos y la investigaci3n del dise±o de prote3nas.

Fuente: <https://jclinic.mit.edu/boltz-1/>

Homepage, [haciendo clic AQUA](#)

Página de [nuestro CEO, Alvaro Abril](#)

Autor
admin

default watermark