

La revoluciÃ3n del cÃ3digo abierto del MIT en el modelado biomolecular

DescripciÃ3n

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

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

Los resultados son impresionantes:

- LDDT-PLI: 65% (en comparaciÃ3n con el 40% de Chai-1)
- Tasa de éxito de DockQ: 83% (superando el 76% de Chai-1)
- Mejoras significativas en la predicción del complejo proteÃna-ligando

Boltz-1 trae las siguientes caracter Asticas:

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



Boltz-1 logró una tasa de éxito del 83% en la predicción de la estructura, superando significativamente a los modelos anteriores. Este nivel de precisión, combinado con su naturaleza de código abierto, podrÃa acelerar drásticamente el descubrimiento de fármacos y la investigación del diseño de proteÃnas.

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

Homepage, <u>haciendo clic AQUÌ</u>

PÃ gina de <u>nuestro CEO</u>, <u>Alvaro Abril</u>

Autor admin

