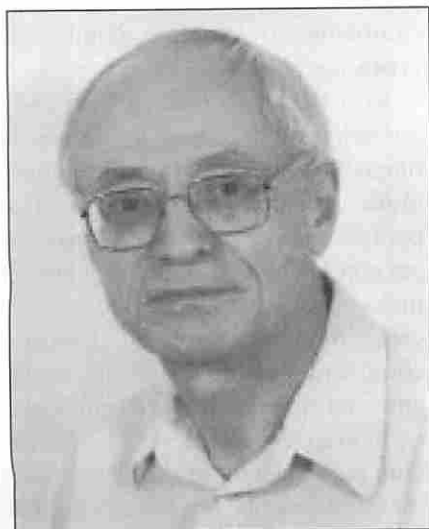


Jean Pierre Serre, Primera Medalla Abel

Con el fin de paliar la ausencia de un Premio Nobel de Matemáticas, el gobierno noruego ha creado en 2002 el Premio Abel con ocasión del bicentenario del nacimiento de Niels Henrik Abel (1802-1829). El premio es anual y tiene una dotación de 768.000 €. El primer galardonado ha sido al profesor Jean-Pierre Serre y ha sido concedido el 3 de abril de 2003. Jean-Pierre Serre es uno de los grandes matemáticos de nuestros días. Actualmente es Profesor Honorífico del Colegio de Francia en París y durante más de medio siglo ha hecho aportaciones muy valiosas para el desarrollo de las Matemáticas.

Jean Pierre Serre nació en 1926 en Bages, Francia. Cursó sus estudios en la Escuela Normal Superior y obtuvo el título de Doctor en la Universidad de la Sorbona de París en 1951. Ocupó varios puestos en el Centro Nacional de Investigaciones Científicas, fue Profesor Asociado en la Facultad de Ciencias de la Universidad de Nancy, y en 1956 se le nombró Profesor del Colegio de Francia.

El profesor Serre es miembro de la Academia de Ciencias de Francia, Gran Oficial de la Orden Nacional del Mérito y Comendador de la Legión de Honor. Es miembro de distintas Academias Nacionales



Jean Pierre Serre.

como la de Suecia, Estados Unidos y los Países Bajos. Ha recibido numerosos premios como la **Medalla Fields**, que se le concedió con 24 años siendo el premiado más joven hasta la fecha; el **Premio Gaston Julia** en 1970; el **Premio Balzan** en 1985; el **Premio Steele** en 1995 y el **Premio Wolf** en 2000.

Numerosas universidades le han hecho Doctor Honoris Causa; la última, la Universidad de Oslo en 2002 con motivo del bicentenario del nacimiento de Niels Henrik Abel.

Además de numerosos artículos recopilados en "Collected Papers" (2002), Serre ha escrito libros sobre Teoría de Galois, Árboles, Representaciones 1-ádicas y L-ádicas y curvas elípticas, Cohomología de Galois, Álgebras de Lie semisimples complejas, Geometría y Teoría de Números, etc.

Los trabajos de Serre han contribuido a numerosas áreas de las Matemáticas, tanto por la amplitud de los temas tratados como por la profundidad de sus resultados, lo cual ha contribuido a una fuerte influencia en el trabajo de muchos matemáticos: sus visiones novedosas han permitido que otros investigadores tuviesen las herramientas necesarias para poder continuar su labor.

Serre desarrolló métodos algebraicos revolucionarios para el estudio de la topología ocupándose especialmente de las transformaciones entre hipersferas. A él se debe también la aclaración y desarrollo genial de los trabajos de los geómetras algebraistas italianos, mediante la introducción y desarrollo de los sistemas algebraicos adecuados para determinar cuándo funcionan sus construcciones geométricas. Sin miedo a exagerar podemos decir que con Serre empieza una nueva edad de oro de la Geometría Algebraica.

Durante cuarenta años los trabajos de Serre sobre la Teoría de los Números han sido decisivos para llevar a esta disciplina a su desarrollo actual. Estos trabajos conectan y amplían en muchos aspectos los de Abel y su prueba de la imposibilidad de resolver las ecuaciones de quinto

grado por radicales y sus técnicas de análisis y estudio de ecuaciones polinómicas. Todos estos avances han resultado decisivos para los resultados obtenidos recientemente en Teoría de Números, como la prueba de A. Wiles del Último Teorema de Fermat.

A pesar de la concepción eminentemente teórica de los estudios de Serre, sus investigaciones han tenido repercusión notable en la solución de problemas prácticos de la teoría de códigos y criptografía de llave pública.

José Leandro de María González
Dpto. de Matemáticas Fundamentales

El Nobel de Química en tres continentes

La Real Academia de Ciencias de Suecia otorgó a **John Fenn** de Estados Unidos, a **Koichi Tanaka** de Japón y a **Kurt Wüthrich** de Suiza el Premio Nobel de Química de 2002. Los tres fueron galardonados por sus contribuciones en el "desarrollo de métodos de identificación y análisis estructural de las macromoléculas biológicas". Fenn y Tanaka compartieron una mitad del premio por "su desarrollo de métodos para el análisis por espectrometría de masas de las macromoléculas biológicas". Wüthrich ganó otra mitad del premio por "su desarrollo de la espectroscopía por resonancia magnética nuclear, para la identificación de la estructura tridimensional de las macromoléculas en solución".

Los tres han contribuido a nuevas maneras de estudiar las proteínas haciendo de la Biología la ciencia del siglo XXI, pese a tratarse de químicos.

Toda forma viva, desde las bacterias y hasta los animales, pasando por las plantas, contiene macromoléculas biológicas que son responsables de la vida. El estudio de las proteínas no es nuevo pero, para encontrar curas a enfermedades como el Alzheimer y

otras enfermedades que afectan al DNA, inclusive para el cáncer, es necesario continuar con los avances en el estudio de las macromoléculas.

PROTEÓMICA

Los tres científicos galardonados han sentado las bases para el nacimiento de una nueva ciencia, la "proteómica", encargada de estudiar cómo interactúan las proteínas con otras sustancias en la célula y en el sustento de la vida.

Las proteínas juegan un rol fundamental en las células de los organismos vivos -bacterias, plantas y animales-. Estas grandes moléculas -de más de 1000 dalton (unidad de masa atómica)- son en realidad diminutas piezas que encajan singularmente unas con otras permitiendo el armado del ensamblaje celular. Para analizar la forma en que cada proteína funciona en relación con sus vecinas es necesario conocer su peso y su forma, los dos temas que resuelven las técnicas desarrolladas por los científicos laureados en el año 2002 con el Premio Nobel de Química.

Espectroscopía de masas (MS)

De todas las herramientas analíticas de que dispone el científico, la espectrometría de masas es quizás la de mayor aplicación, en el sentido de que esta técnica es capaz de proporcionar información acerca de la composición elemental de las muestras, de la estructura de las moléculas, de la composición cualitativa y cuantitativa de mezclas complejas, de la estructura y composición de superficies sólidas y de las reacciones isotópicas de átomos en las muestras.

La función básica de la espectrometría de masa es identificar una sustancia en una muestra de acuerdo a su masa. El método es muy sensible, permite identificar diferentes tipos de moléculas en una disolución. Las macromoléculas pueden ser moléculas grandes pero en reali-

dad se trata de estructuras minúsculas, por ejemplo una macromolécula es la hemoglobina la cual tiene una masa de 10^{-19} gramos, esto es algo así como una diez mil millonésima parte de un gramo. La manera de medir estas minúsculas partículas es, primero separarlas a través de los iones cargados eléctricamente, después se colocan en el vacío y se mide su "tiempo de vuelo" hacia un detector (electrodo de carga opuesta que los atrae). Este tiempo se corresponde proporcionalmente con su relación masa/carga. Los más rápidos son los que pesan menos y se encuentran más cargados. Pero este método hace que las proteínas pierdan su estructura y su forma.

Gracias a los descubrimientos de los científicos galardonados muchas moléculas (entre ellas las proteínas) pueden llegar al estado gaseoso ionizado sin que pierdan sus características estructurales.

Fenn publicó dos artículos en 1988 en los que describió cómo las proteínas en solución (estado líquido) pueden ser volatilizadas (estado gaseoso) por acción de un campo eléctrico produciendo moléculas gaseosas iónicas; esta técnica se conoce como *Electrospray ionization (ESI)*.

Tanaka por su parte desarrolló un método similar en 1987 para la volatilización y ionización de macromoléculas en estado sólido, mezcladas con un metal (matriz), mediante el bombardeo de esa mezcla sólida por un láser ultravioleta. El procedimiento ideado por Tanaka se denomina *Matrix-Assisted Ultraviolet Laser Desorption Ionisation (UV-MALDI)*. Su método consistía en la utilización de un láser que produce la desorción (volatilización), pasando la macromolécula del estado sólido al gaseoso ionizado. En realidad este proceso ocurre porque las macromoléculas en estado sólido están mezcladas con un segundo cuerpo llamado matriz (fotosensibilizador), quien en realidad es el que absorbe la energía (fotones) que provee el laser. Midiendo el "tiempo de vuelo" de las macromoléculas gaseosas ionizadas hasta llegar al

detector, se puede calcular el peso molecular de las mismas. Esto es posible porque la combinación láser-matriz produce la desorción y ionización de las proteínas, sin que éstas pierdan su estructura primaria.

Resonancia Magnética Nuclear (RMN)

La espectroscopía de resonancia magnética nuclear se basa en la medida de la absorción de la radiación electromagnética de la región de las radiofrecuencias (de 4 a 900 MHz) por núcleos atómicos cuando a éstos se les sitúa en un campo magnético intenso.

La resonancia magnética nuclear nos indica, a diferencia de la espectrometría de masas, más que la cantidad o qué moléculas se encuentran en una muestra determinada, cómo se ve, cuál es la estructura y forma de un compuesto macromolecular. El problema principal al que se enfrentaban los científicos en tiempos pasados era que una proteína es una molécula demasiado grande como para poder ser observada a través del microscopio más poderoso. Antes de la RMN solamente era posible observar las proteínas en tres dimensiones a través de los métodos de rayos X de polvo cristalino. Este método consistía en estudiar la difracción de rayos X a través de los cristales de una proteína, el problema que tenía este proceso era que la proteína cambiaba su estructura debido a la cristalización.

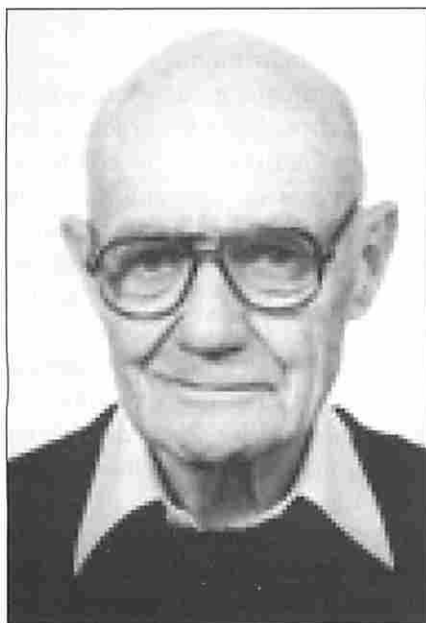
Kurt Wüthrich demostró en 1980 que era posible utilizar la resonancia magnética nuclear con las proteínas, al desarrollar un método sistemático para parear el espectro de la resonancia con los núcleos de hidrógeno. El método se llama asignación secuencial, en el cual también demostró cómo era posible medir distancias entre un gran número de moléculas de hidrógeno y utilizar esta información para calcular la estructura tridimensional de la molécula y formar un modelo. El primer modelo completo no fue terminado hasta 1985.

La imagen tridimensional permite “ver” exactamente qué forma tiene la proteína, cómo está distribuida en el espacio, los distintos componentes de las cadenas, si hay agujeros o sitios activos, si hay metales, si se puede meter agua. Además, conociendo qué grupos químicos están en la parte interna y externa de esos agujeros se puede prever qué tipo de interacción química puede generar (la proteína) con su entorno. Estos sistemas de encajes perfectos que conforman las proteínas son las piezas fundamentales del rompecabezas que los científicos intentan armar para descifrar los fenómenos de la salud y de la enfermedad que surgen cuando la maquinaria de la vida se pone en funcionamiento.

NOMBRES PARA UN NOBEL

John Fenn

Nacido en Nueva York hace 85 años, Fenn se doctoró en Química por la Universidad de Yale en 1940, para concentrarse, a continuación, durante más de una década en la investigación espacial. Volvió a Yale como profesor de Ingeniería Química, cátedra que ejerció hasta su jubilación en 1987,



John Fenn.

para pasar luego, como investigador, a la Virginian Commonwealth University, donde actualmente ejerce su actividad investigadora.

Koichi Tanaka

Nacido en 1959, en Toyama (Japón), se doctoró por la Universidad de Tohoku y actualmente ejerce como ingeniero de investigación y



Koichi Tanaka.

desarrollo en la Corporación Shimadzu de Kioto. A sus 43 años es admirado por sus colegas por su minuciosidad y su forma estructurada de trabajo y todos los que le conocen le consideran un “trabajador incansable”.

Kurt Wüthrich

Nacido en Aarberg, cantón de Berna, de 64 años de edad, diplomado en Química, Física y Matemáticas por las universidades suizas de Berna y Basilea, y de Berkeley, en Estados Unidos, Kurt Wüthrich, ha trabajado, desde 1969, en el Instituto Politécnico Federal de Zurich. En 1980 fue nombrado profesor de Biofísica. En diciembre de 2000 fue noticia al demos-



Kurt Wüthrich.

trar que las proteínas de los priones del ser humano, los bóvidos y el cerdo eran semejantes en su estructura química. Desde el 2001 ha sido profesor invitado de biología estructural en el Instituto Scripps de Investigaciones, en la Jolla, cerca de San Diego, en Estados Unidos. Kurt Wüthrich es dueño ya de otras distinciones suizas y extranjeras, y es también conocido por su afición a la gimnasia, el esquí, la natación y el fútbol.

Gracias a los descubrimientos de los tres laureados con el Premio Nobel de Química 2002, la comunidad científica dispone ahora de los medios para el análisis rápido de macromoléculas biológicas.

Estos aportes permiten a los investigadores entender mejor cómo trabajan las células de nuestro cuerpo y constituyen una importante herramienta para desarrollar nuevas técnicas de diagnóstico e identificación de enfermedades.

Hoy en día, se considera a la “proteómica” como el próximo gran salto en la historia científica que, junto con la información recogida por el Proyecto Humano Genoma, permitirá producir una nueva generación de fármacos, más eficientes y elaborados “a la medida” de cada paciente.

Pilar Fernández Hernando
Dpto. de Física Fundamental