

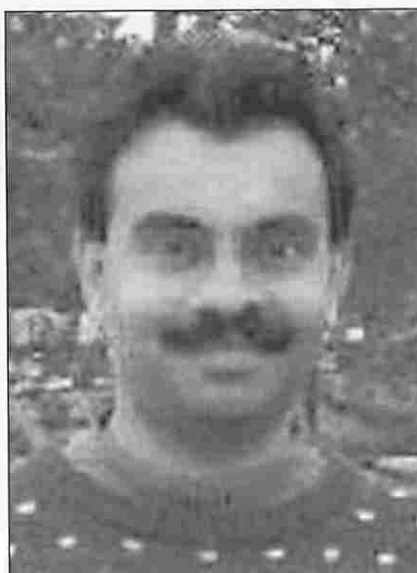
Vladimir Voevodsky.

braicas. El nombre de «motivic cohomology» atribuida a esta teoría se debe a Alexander Grothendieck que conjeturó la existencia de llamados “motives” que establecen la conexión entre la teoría de números y la geometría algebraica. Éstos están construidos sobre una idea propuesta inicialmente por Andrei Suslin. Entre otras cosas se crea una fuerte conexión entre las variedades algebraicas y la K-theory y provee una forma de trabajo para estudiar nuevas teorías de cohomología. Una consecuencia del trabajo de Voevodsky es una prueba de la conjetura de Milnor, que durante años ha sido el problema más importante de la K-teoría. Su trabajo está caracterizado por el manejo de ideas abstractas con flexibilidad y habilidad y su aplicación para resolver problemas matemáticos muy concretos.

**Madhu Sudan** nació el 12 de septiembre de 1966 en Madras, India. Recibió su Licenciatura en Ciencias de la Computación en el Instituto Tecnológico de New Delhi, 1987, y su Doctorado en Ciencias de la Computación en la Universidad de California (en Berkeley), 1992. Ha sido miembro del equipo de investigación del Centro Thomas J. Watson de IBM (Yorktown Heights, New York (1992-

97). Actualmente es profesor asociado en el MIT.

El Premio Nevanlinna ha sido otorgado desde 1982 por la International Mathematical Union. En él se reconocen las aportaciones excepcionales a las Ciencias de la Computación. De forma semejante a las Medallas Fields, se otorgan a científicos que no han cumplido 40 años.



Madhu Sudan.

El Premio Nevanlinna del año ha sido concedido a Madhu Sudan del MIT (Massachusetts Institute of Technology) en reconocimiento por sus trabajos sobre la comprobación probabilística de demostraciones, corrección de errores de códigos, etc. Los trabajos de Sudan cubren un amplio rango de problemas en los que ha obtenido soluciones muy brillantes.

Para más información, se pueden visitar las siguientes páginas web:

#### **The Early History of the Fields Medal:**

<http://www.ams.org/notices/200207/comm-riehm.pdf>

#### **official IMU site:**

<http://www.mathunion.org/medals/index.html>.

Sobre los trabajos de Voevodsky:  
**The Motivation Behind Motivic Cohomology:**

<http://www.ams.org/new-in-math/mathnews/motivic.html>.

Para los trabajos de Madhu Sudan:  
**Coding theory meets, theoretical computer science»:**

<http://www.siam.org/siamnews/12-01/coding.pdf>.

Y también:

Madhu Sudan's home page:

<http://theory.lcs.mit.edu/~madhu/>.

José Antonio Bujalance García  
*Dpto. de Matemáticas  
Fundamentales*

## **Novedades científicas en Química en el año 2003**

### **INFORMATIZACIÓN DE LA NOMENCLATURA QUÍMICA**

La IUPAC (International Union of Pure and Applied Chemistry) está promoviendo un nuevo modo de identificar sustancias químicas que sea fácil de usar en la Web, bases de datos y otras fuentes informáticas. Este identificador (IchI), desarrollado en el NIST (National Institute of Standards and Technology, USA) está basado en algoritmos de computador que transforman las estructuras moleculares en números para cada átomo y después en cadenas de caracteres. El proceso inverso, es decir, ir de la cadena de caracteres a la estructura, será también posible. Hay ya una primera versión para nombrar moléculas orgánicas, y el proyecto contempla el desarrollo de algoritmos para compuestos inorgánicos y polímeros.

### **SOFTWARE PARA EL ANÁLISIS QUÍMICO**

En los Laboratorios Nacionales Sandia (USA) se ha elaborado un

software que permite el análisis automatizado de la química de micro y macroestructuras. Sus creadores mantienen que miles de partículas pueden ser analizadas en pocos minutos, evitándose así los habitualmente lentos y tediosos análisis convencionales. Esta técnica puede aplicarse a materiales muy variados como, por ejemplo, semiconductores, cerámicas, metales y minerales.

## A VUELTAS CON LAS PROTEÍNAS

En la Universidad de Berkeley (USA) se está intentando conseguir una visión global de la estructura de las proteínas y de sus posibles líneas evolutivas. El objetivo es construir una "Tabla Periódica" de las proteínas. Este interés está originado porque se sabe que hay (al menos) 10.000 "motivos" o regularidades estructurales diferentes que pueden servir como bloques para construir proteínas. De estos, 1.000 están presentes en las 20.000 estructuras proteínicas conocidas, de las cuáles el 80% poseen 500 "motivos" estructurales comunes. En estos estudios se utilizan comparaciones matemáticas que involucran conceptos, tales como el de "distancia estructural", que sirven para cuantificar las diferencias entre las estructuras. De los primeros resultados parece seguirse la conclusión de que las primeras etapas evolutivas de las proteínas estuvieron dominadas por las limitaciones estructurales en las arquitecturas iniciales de aquéllas.

Los algoritmos para computador capaces de predecir las estructuras de los complejos proteína-proteína, como los desarrollados en el Instituto Weizmann de la Ciencia (Israel), están alcanzando un alto grado de sofisticación. Su importancia es clara, ya que pueden permitir: a) la comprensión de los mecanismos por los que dos proteínas se asocian; y b) la posibilidad de predicción de los efectos de determinados medicamentos. El problema es complicado,

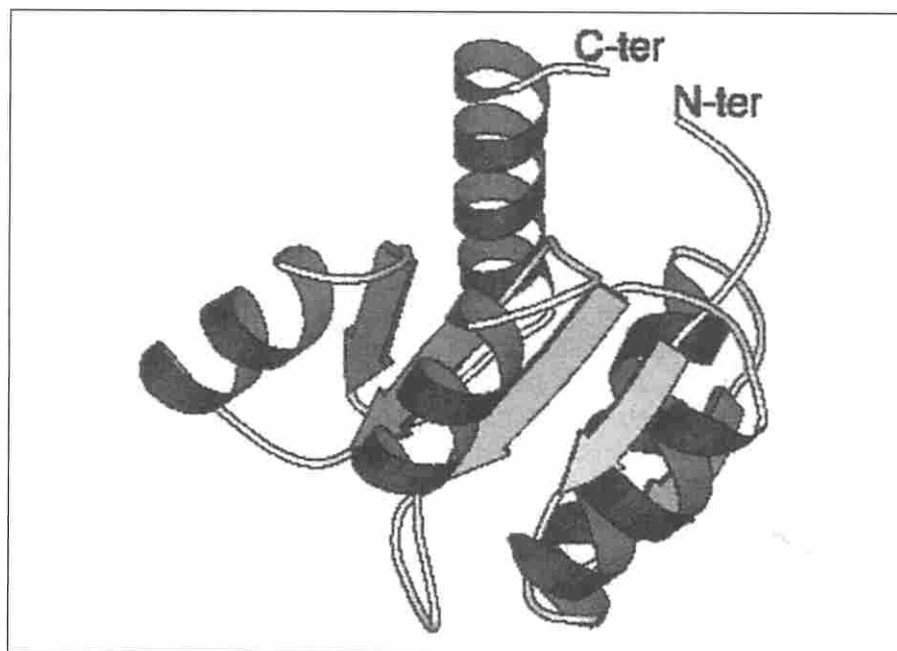


Ilustración simplificada de la estructura de una proteína que muestra las estructuras secundarias regulares: hélices  $\alpha$  (hélices) e hilos  $\beta$ . Los grupos terminales son  $-\text{COOH}$  y  $-\text{NH}_2$ .

pues las conformaciones de las proteínas aisladas se alteran cuando otras proteínas están cerca. Los cálculos con computador más elaborados utilizan modelos tridimensionales de las moléculas aisladas y las sitúan en diferentes configuraciones relativas la una de la otra. Los criterios de selección de estructuras están basados en ajustes geométricos y electrostáticos.

En todo este contexto, existen en el Reino Unido proyectos mixtos Universidad-Empresa privada para la creación de bases de datos automatizados (estructuras 3-D, etc.) de proteínas, enzimas y demás, que faciliten el acceso a la información necesaria destinada a seleccionar la mejor droga medicamentosa. Esto es especialmente interesante en los casos en los que alguna proteína específica esté implicada en una enfermedad.

## IONES Y COMPUTACIÓN CUÁNTICA

Las posibilidades de construir un *computador cuántico*, capaz de factorizar grandes números, analizar problemas criptográficos, o modelar

el clima terrestre, están siendo objeto de una investigación muy activa. Una idea reciente, que está siendo desarrollada conjuntamente por el NIST y el MIT (Massachusetts Institute of Technology, USA), es la de utilizar un gran número de iones que se distribuirían entre un elevado número de *trampas iónicas* interconectadas. Manipulando los voltajes en estas trampas se podrían confinar iones en cada una de ellas, o transportarlos de una a otra. Se espera que de este modo puedan crearse zonas de memoria y de procesamiento lógico.

Hay otros intentos de *computación cuántica* basados en la utilización de fotones lineales. También se están explorando otras alternativas como la *computación óptica* en la que, sobre una red de fibra óptica, se pueden transportar múltiples longitudes de onda de luz, lográndose ya transmisiones de información a velocidades de 10 Gbps (Giga bits por segundo) y se espera que esta cifra alcance los 40 Gbps en muy poco tiempo.

Luis Mariano Sesé Sánchez  
Dpto. de Ciencias  
y Técnicas Físicoquímicas