

**2024
NOBEL KİMYA ÖDÜLÜ
SAHİPLERİNİ BULDU!**

Özge Altıntaş ve Dr. Adil DENİZLİ

Hacettepe Üniversitesi, Kimya Bölümü, Beytepe, Ankara

**İSVEÇ KRALİYET BİLİMLER AKADEMİSİ
2024 NOBEL KİMYA ÖDÜLÜNÜN;
BİR YARISINI “HESAPLAMALI PROTEİN
TASARIMI” ÇALIŞMALARI İLE
DAVID BAKER’A,
DİĞER YARISINI “PROTEİN YAPISI
TAHMİNİ” ÇALIŞMALARI İLE
DEMİS HASSABİS’A
JOHN M. JUMPER’A
VERME KARARI ALDI.**



DAVID BAKER

1962 yılında Seattle, WA, ABD'de doğdu. 1989'da Kaliforniya Üniversitesi, Berkeley, CA, ABD'den doktorasını aldı. Washington Üniversitesi, Seattle, WA, ABD'de Profesör ve Howard Hughes Tıp Enstitüsü'nde araştırmacıdır.

DEMIS HASSABIS

1976 yılında Londra, İngiltere'de doğdu. 2009'da Londra Üniversitesi'nden doktora derecesini aldı. Google DeepMind'ın Londra, İngiltere'de CEO'sudur.



JOHN M. JUMPER'A

1985 yılında Little Rock, AR, ABD'de doğdu. 2017'de Chicago Üniversitesi'nden doktora derecesini aldı. Google DeepMind, Londra, İngiltere'de kıdemli araştırmacı bilim insanıdır.

ONLAR, PROTEİNLERİN SIRLARINI HESAPLAMA VE YAPAY ZEKÂ İLE ORTAYA ÇIKARDILAR

Kimyacılar, yaşamın kimyasal araçlarını-proteinleri-tam olarak anlamayı ve kontrol altına almayı uzun zamandır hayal ediyorlardı. Bu hayal artık gerçek oluyor. Demis Hassabis ve John M. Jumper, yapay zekâyı kullanarak hemen hemen tüm bilinen proteinlerin yapısını tahmin etmeyi başardılar. David Baker ise yaşamın yapı taşlarını nasıl kontrol edeceğini öğrendi ve tamamen yeni proteinler yarattı. Keşiflerinin potansiyeli muazzamdır.

Yaşamın coşkulu kimyası nasıl mümkündür? Bu sorunun cevabı, proteinlerin varlığıdır; bunlar, dâhiyane kimyasal

araçlar olarak tanımlanabilir. Genellikle sonsuz kombinasyonlarla bir araya gelebilecek 20 amino asitten oluşurlar. DNA'da saklı olan bilgiyi bir taslak olarak kullanarak, amino asitler hücrelerimizde uzun zincirler halinde birleştirilir.

Sonra proteinlerin büyüğü başlar: amino asitlerin zinciri, farklı-bazen benzersiz-üç boyutlu bir yapıya bükülüp katlanır. Bu yapı, proteinlere işlevlerini kazandırır. Bazıları kasları, boynuzları veya tüyleri oluşturabilecek kimyasal yapı taşları haline gelirken, bazıları da hormonlar veya antikolar olabilir. Birçoğunu enzimler oluşturur ve bu enzimler yaşamın kimyasal reaksiyonlarını olağanüstü bir hassasiyetle yürütürler. Hücrelerin yüzeylerinde bulunan proteinler de önemlidir ve hücre ile çevresi arasında iletişim kanalları olarak işlev görürler.

Yaşamın kimyasal yapı taşlarının, bu 20 amino asidin potansiyelini abartmak neredeyse

imkânsızdır. 2024 Nobel Kimya Ödülü, onları tamamen yeni bir düzeyde anlamak ve kontrol etmekle ilgilidir. Ödülün bir yarısı, kimyagerlerin 50 yılı aşkın bir süredir boğuştuğu bir sorunu başarıyla çözen Demis Hassabis ve John Jumper'a gitti: "Bir amino asit dizisinden bir proteinin üç boyutlu yapısını tahmin etmek". Bu, neredeyse 200 milyon bilinen proteinin yapısını tahmin etmelerine olanak sağlamıştır. Diğer yarısı ise David Baker'a verildi. O, daha önce imkânsız olduğu düşünülen şeyleri başarmak için bilgisayar destekli yöntemler geliştirmiştir: "Daha önce var olmayan ve birçok durumda tamamen yeni işlevlere sahip proteinler yaratmak".

2024 Nobel Kimya Ödülü, iki farklı keşfi tanısa da bunlar birbiriyle yakından ilişkilidir. Bu yılın ödül sahiplerinin üstesinden geldiği zorlukları anlamak için, modern biyokimyanın başlangıcına geri dönmeliyiz.



PROTEİNLERİN İLK BULANIK GÖRÜNTÜLERİ

Kimyacılar 19. yüzyıldan beri proteinlerin yaşam süreçleri için önemli olduğunu biliyorlardı, ancak araştırmacıların proteinleri daha detaylı inceleyebilmesi için kimyasal araçların yeterince hassas hale gelmesi 1950'leri buldu. Cambridge araştırmacıları John Kendrew ve Max Perutz, on yılın sonunda X-ışını kristalografisi adı verilen bir yöntemi başarıyla kullanarak proteinlerin ilk üç boyutlu modellerini sunduklarında çığır açan bir keşif yaptılar. Bu keşifleri nedeniyle 1962'de Nobel Kimya Ödülü'ne layık görüldüler.

Daha sonra araştırmacılar, çoğunlukla büyük çaba göstererek X-ışını kristalografisini kullanarak yaklaşık 200.000 farklı proteinin görüntülerini başarıyla ürettiler ve bu, 2024 Nobel Kimya Ödülü'nün temelini oluşturdu.

BİR BİLMECEDİR: PROTEİN, BENZERSİZ YAPISINI NASIL BULUR?

Amerikalı bilim insanı Christian Anfinsen, bir keşif yaptı. Çeşitli kimyasal numaralar kullanarak mevcut bir proteini açıp tekrar katlamayı başardı. İlginç olan gözlem, proteinin her seferinde tam olarak aynı şekli almasıydı. 1961'de, bir proteinin üç boyutlu yapısının tamamen proteindeki amino asit dizisi tarafından belirlendiği sonucuna vardı. Bu da ona 1972'de Nobel Kimya Ödülü'nü kazandırdı.

Ancak, Anfinsen'in mantığında bir paradoks vardı, bunu 1969'da Amerikalı Cyrus Levinthal belirtti. Levinthal, bir proteinin yalnızca 100 amino asitten oluşsa bile, teorik olarak proteinin en az 1047 farklı üç boyutlu yapı alabileceğini hesapladı. Eğer amino asit zinciri rastgele katlansaydı, doğru protein yapısını bulmak evrenin yaşından daha uzun sürerdi. Ancak bir hücrede bu sadece birkaç

milisaniye sürer. O halde amino asit zinciri nasıl katlanır?

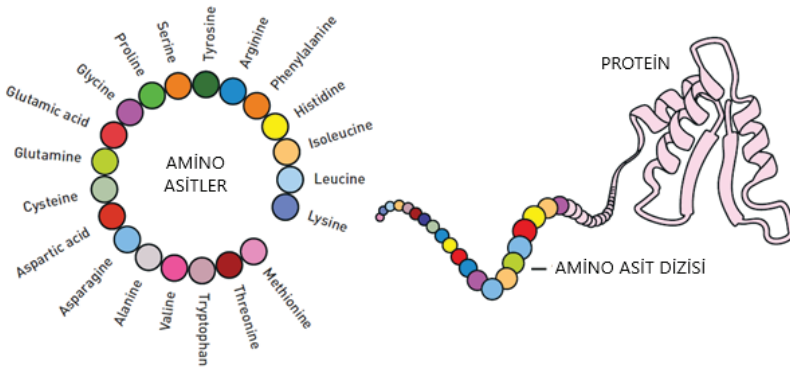
Anfinsen'in keşfi ve Levinthal'ın paradoksu, katlanmanın önceden belirlenmiş bir süreç olduğunu ifade ediyordu. En önemlisi ise proteinin nasıl katlanacağına dair tüm bilgi amino asit dizisinde yer almalıydı.

BÜYÜK BİYOKİMYA MÜCADELESİ

Bu bulgular, başka bir kritik farkındalığa yol açtı: Kimyacılar bir proteinin amino asit dizisini bilirlerse, proteinin üç boyutlu yapısını tahmin edebilmeliler. Bu heyecan verici bir fikirdi. Eğer başarılı olurlarsa, zahmetli X-ışını kristalografisine başvurmaları gerekmez ve çok zaman kazanırlardı. Ayrıca, X-ışını kristalografisinin uygulanamadığı tüm proteinler için yapılar oluşturabilirlerdi.

Bu mantıksal sonuçlar, biyokimyanın büyük mücadelesi haline gelen şeye meydan okudu: Tahmin problemi. Alandaki daha hızlı gelişimi teşvik etmek için, 1994'te araştırmacılar Protein Yapısı Tahmini Kritik Değerlendirme (CASP) adlı bir proje başlattılar ve bu bir yarışmaya dönüştü. Her iki yılda bir, dünyanın dört bir yanındaki araştırmacılara, yapıları yeni belirlenmiş proteinlerin amino asit dizilerine erişim sağlandı. Ancak, yapılar katılımcılardan gizli tutuldu. Bu meydan okuma, bilinen amino asit dizilerine dayanarak protein yapılarını tahmin etmekte.

CASP birçok araştırmacıyı cezbedetti, ancak tahmin problemini çözmek son derece zor olduğunu kanıtladı. Yarışmaya giren araştırmacıların tahminleri ile gerçek yapılar arasındaki uyum neredeyse hiç gelişmedi. Çığır açan ilerleme yalnızca 2018'de, bir satranç ustası, nöro bilim uzmanı ve yapay zekâ öncüsü bu alana girdiğinde gerçekleşti.



AlphaFold2 Nasıl Çalışır?

AlphaFold2'nin geliştirilmesi sırasında, yapay zeka modeli bilinen tüm amino asit dizileri üzerinde eğitildi ve protein yapıları belirlendi.

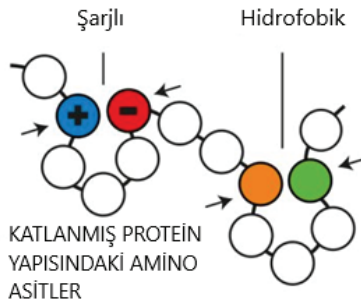
1. Veri Girişi ve Veritabanı

Aramaları

Bilinmeyen bir yapıya sahip bir amino asit dizisi AlphaFold2'ye girilir. Bu model, amino asit dizileri ve protein yapıları için benzer dizileri veritabanlarında arar.

2. Dizi Analizi

Yapay zeka modeli, tüm benzer amino asit dizilerini (genellikle farklı türlerden) hizalar ve evrim sırasında hangi parçaların korunduğunu araştırır. Bir sonraki adımda, AlphaFold2, amino asitlerin üç boyutlu protein yapısında birbirleriyle nasıl etkileşime girebileceğini araştırır. Etkileşim halindeki amino asitler birlikte evrimleşir. Biri yüklü ise, diğerinde zıt yük varsa çekim olur; biri hidrofobik (suyu iten) bir amino asit ise, diğeri de hidrofobik olur. Bu analiz kullanılarak AlphaFold2, amino asitlerin yapıda birbirlerine ne kadar yakın olduğunu tahmin eden bir mesafe haritası oluşturur.

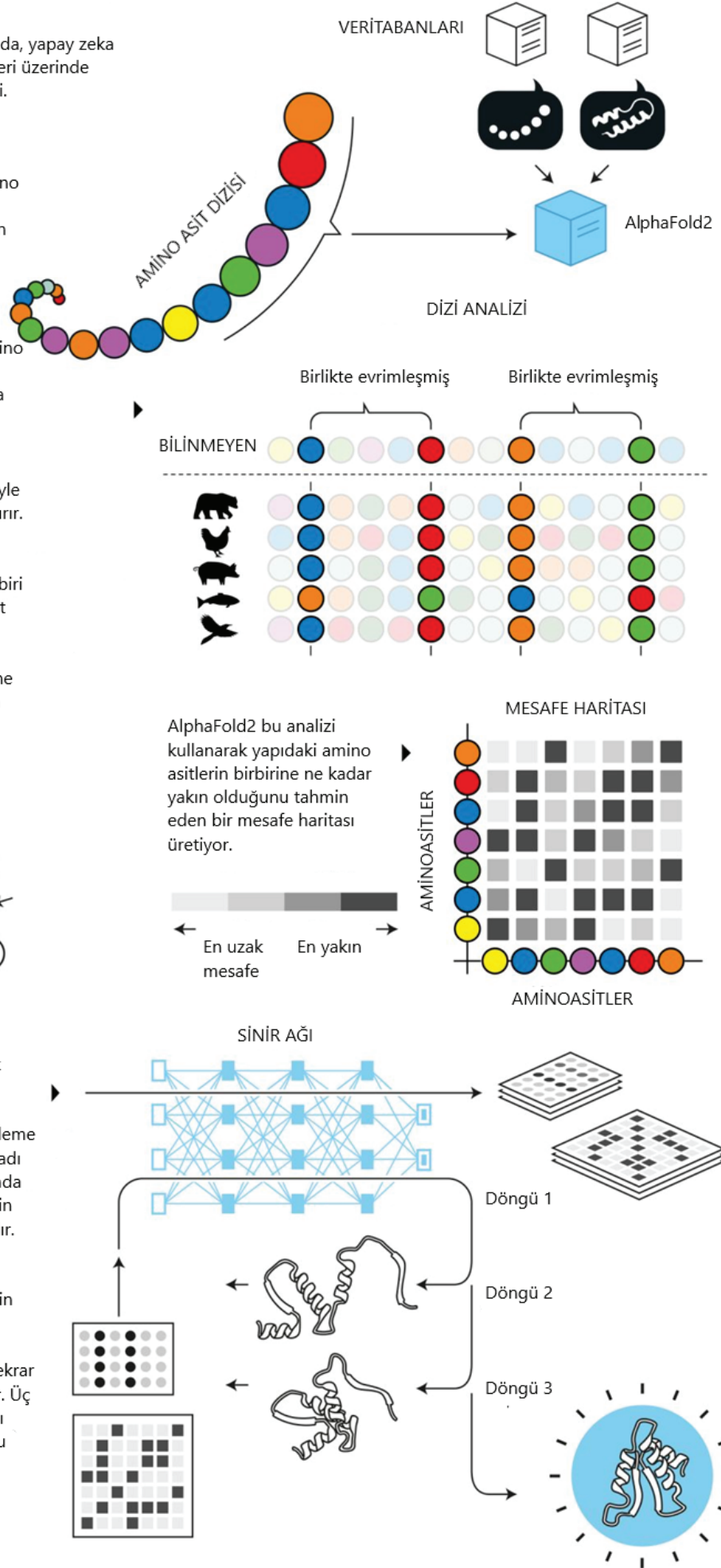


3. Yapay Zeka Analizi

Yinelenen bir işlem süreci kullanarak AlphaFold2, dizi analizini ve mesafe haritasını rafine eder. Model, hangi önemli öğelere odaklanacağını belirleme yeteneği yüksek olan "transformer" adı verilen sinir ağlarını kullanır. İlk adımda (adım 1'de) bulunmuşsa diğer protein yapıları hakkındaki veriler de kullanılır.

4. Hipotetik Yapı

AlphaFold2, tüm amino asit dizilerinin bir yapbozunu oluşturur ve olası bir hipotetik protein yapısını test eden yolları dener. Bu adım, 3. adımdan tekrar geçilerek üç döngüde gerçekleştirilir. Üç döngüden sonra AlphaFold2 bir yapı tahmini üretir. Yapay zeka modeli, bu yapının farklı parçalarının gerçekten protein yapısıyla ne ölçüde uyumlu olduğunu hesaplar.



BİR MASA OYUNU USTASI PROTEİN OLİMPİYATLARINA KATILİYOR

Demis Hassabis'in geçmişine kısa bir bakış atalım: Satranç oynamaya dört yaşında başladı ve 13 yaşında usta seviyesine ulaştı. Gençlik yıllarında programcı olarak kariyerine başladı ve başarılı bir oyun geliştiricisi oldu. Yapay zekâ araştırmalarına yöneldi ve nörobilim alanında birkaç devrim niteliğinde keşif yaptı. Beyinle ilgili öğrendiklerini, yapay zekâ için daha iyi sinir ağları geliştirmek amacıyla kullandı. 2010 yılında, popüler masa oyunları için ustaca AI modelleri geliştiren DeepMind adlı şirketi kurdu. Şirket 2014 yılında Google'a satıldı ve iki yıl sonra DeepMind, dünyanın en eski strateji oyunlarından biri olan Go oyununda

şampiyonu yenerek küresel dikkatleri üzerine çekti.

Ancak Hassabis için Go, nihai hedef değildi; daha iyi yapay zekâ modelleri geliştirmek için bir araçtı. Bu zaferden sonra ekibi, insanlık için daha önemli sorunları ele almaya hazırды, bu nedende 2018'de on üçüncü CASP yarışmasına kaydoldu.

DEMİS HASSABİS'İN YAPAY ZEKÂ MODELİNİN BEKLENMEDİK ZAFERİ

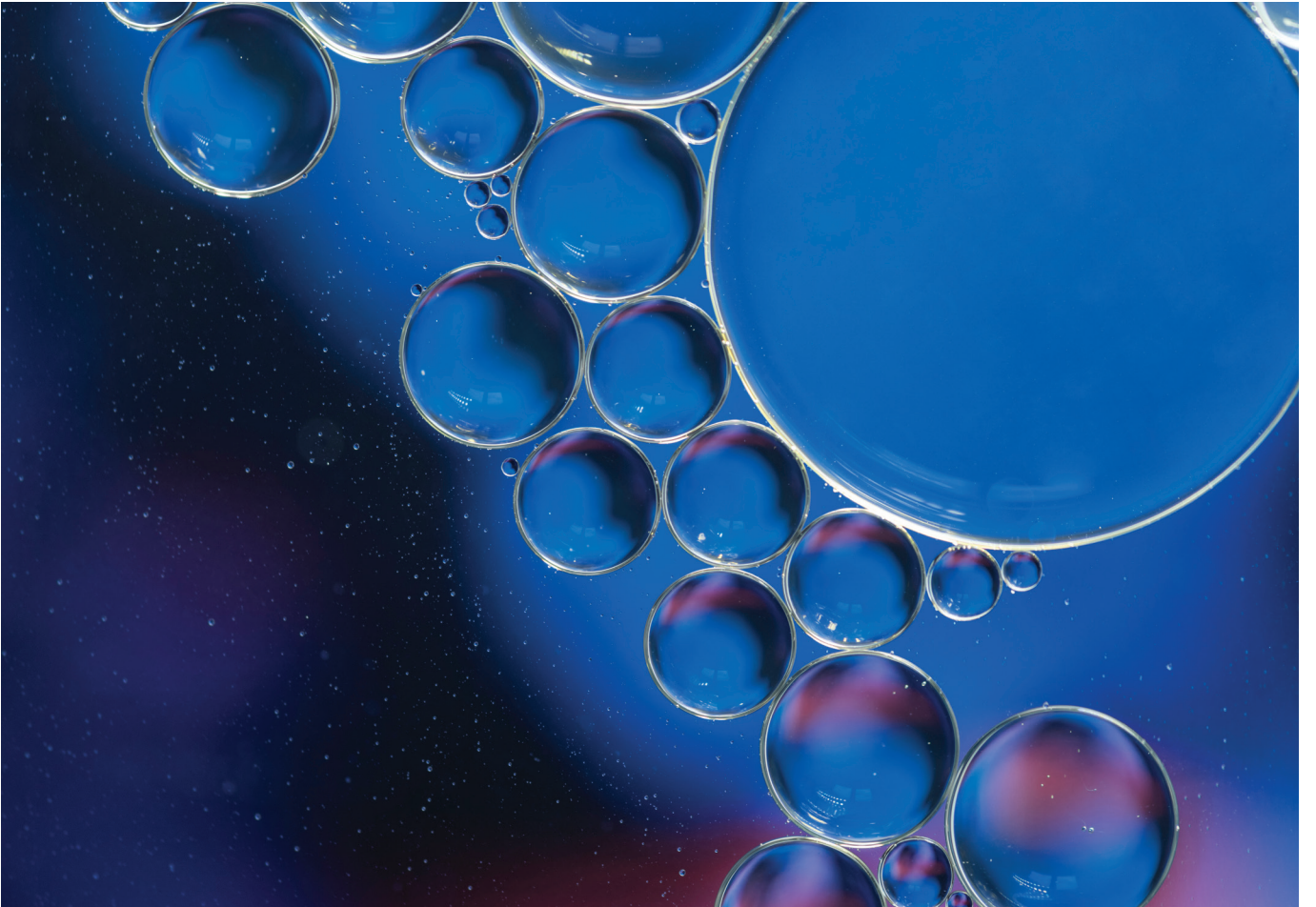
Önceki yıllarda, CASP için araştırmacıların tahmin ettiği protein yapıları en fazla yüzde 40 doğruluk sağlamıştı. Hassabis'in ekibi, yapay zekâ modeli AlphaFold ile bu oranı neredeyse yüzde 60'a çıkardı. Kazandılar ve bu mükemmel sonuç birçok kişiyi şaşırttı-beklenmedik bir ilerlemeydi, ancak çözüm hala yeterince

iyi değildi. Başarılı olabilmek için tahminin, hedef yapıya kıyasla yüzde 90 doğruluk sağlaması gerekiyordu.

Hassabis ve ekibi AlphaFold'u geliştirmeye devam ettiler-ancak ne kadar uğraşırlarsa uğraşırlar, algoritma tam anlamıyla istenen seviyeye ulaşamadı. Gerçek şu ki, ekip bir çıkmaza girmişti ve yorgundu, ancak nispeten yeni bir çalışan, yapay zekâ modelinin nasıl geliştirilebileceği konusunda kararlı fikirlere sahipti.

JOHN JUMPER BİYOKİMYANIN BÜYÜK MÜCADELESİNİ DEVRALIYOR

John Jumper'ın evrene olan hayranlığı, onu fizik ve matematik öğrenmeye yönlendirdi.



Ancak 2008'de, proteinleri ve dinamiklerini simüle etmek için süper bilgisayarlar kullanan bir şirkette çalışmaya başladığında, fizik bilgisinin tıbbi sorunları çözmeye yardımcı olabileceğini fark etti.

Jumper, bu yeni edindiği proteinlerle ilgili ilgisini, 2011 yılında teorik fizik doktorasına başladığında da yanında taşıdı. Üniversitede bilgisayar kapasitesini tasarruf etmek için-ki bu çok azdı-protein dinamiklerini simüle etmek için daha basit ve daha yaratıcı yöntemler geliştirmeye başladı. Kısa süre sonra, o da biyokimyayın büyük mücadelesini devraldı. 2017'de doktorasını yeni tamamlamıştı ve Google DeepMind'in büyük bir gizlilik içinde protein yapılarının tahminine başladığını duydu. Onlara bir iş başvurusu gönderdi. Protein simülasyon deneyimi, AlphaFold'u geliştirmek için yaratıcı fikirleri olduğu anlamına geliyordu, bu yüzden ekip su üstünde yüzmeye başladığında terfi ettirildi. Jumper ve Hassabis, AI modelini kökten yeniden şekillendiren çalışmayı birlikte yürüttüler.

YENİDEN ŞEKİLLENDİRİLMİŞ BİR YAPAY ZEKÂ MODELİYLE ŞAŞIRTICI SONUÇLAR

Yeni sürüm-AlphaFold2-Jumper'ın protein bilgisiyle şekillendirildi. Ekip ayrıca, AI'daki son büyük atılımın arkasındaki yeniliği kullanmaya başladı: Transformer adı verilen sinir ağları. Bunlar, büyük veri miktarlarında önceki yöntemlere göre daha esnek bir şekilde kalıplar bulabilir ve belirli bir hedefe ulaşmak için neyin odaklanması gerektiğini etkili bir şekilde belirleyebilir.

Ekip, AlphaFold2'yi tüm bilinen protein yapılarının ve amino asit dizilerinin bulunduğu veritabanlarındaki geniş bilgilerle eğitti ve yeni AI mimarisi, on dördüncü CASP yarışmasına zamanında iyi sonuçlar vermeye başladı.

2020'de CASP düzenleyicileri sonuçları değerlendirdiklerinde, biyokimyayın 50 yıllık mücadelesinin sona erdiğini anladılar. Çoğu durumda, AlphaFold2 neredeyse X-ışını kristalografisi kadar iyi performans gösterdi, bu inanılmazdı. CASP'ın kurucularından biri olan John Moult, 4 Aralık 2020'de yarışmayı sonlandırdığında şu soruyu sordu: "Şimdi ne olacak?".

Buna geri döneceğiz. Şimdi zaman içinde geriye gidip, CASP'daki bir başka katılımcıya ışık tutacağız. Hadi 2024 Nobel Kimya Ödülü'nün diğer yarısına bakalım, bu sıfırdan yeni proteinler yaratma sanatıyla ilgilidir.

BİR HÜCRE KİTABI DAVID BAKER'IN YÖNÜNÜ DEĞİŞTİRİYOR

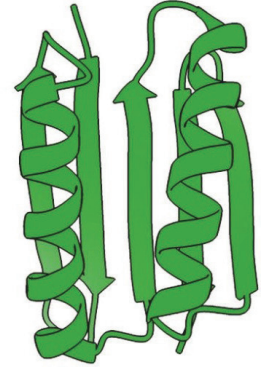
David Baker, Harvard Üniversitesi'nde okumaya başladığında, felsefe ve sosyal bilimler alanını seçti. Ancak evrimsel biyoloji üzerine aldığı bir derste, şimdi klasikleşmiş olan 'Molecular Biology of the Cell' adlı kitabın ilk baskısına rastladı. Bu, hayatındaki yönünü değiştirmesine neden oldu. Hücre biyolojisini keşfetmeye başladı ve sonunda protein yapılarına hayran kaldı. 1993'te Seattle'daki Washington Üniversitesi'nde grup lideri olarak işe başladığında, biyokimyayın büyük mücadelesini üstlendi. Zekice deneyler kullanarak proteinlerin nasıl katlandığını keşfetmeye başladı. Bu, 1990'ların sonunda protein yapısını tahmin edebilecek bilgisayar yazılımları geliştirmeye başladığında yanına aldığı bilgilerdi: "Rosetta".

Baker, 1998 yılında CASP yarışmasına Rosetta ile ilk katıldığında, diğer katılımcılara kıyasla gerçekten iyi iş çıkardı. Bu başarı, Baker'ın ekibinin yazılımı tersine kullanabileceği fikrine yol açtı. Amino asit dizilerini Rosetta'ya girip protein yapılarını elde etmek yerine, istenilen bir protein yapısını girip onun amino asit dizisi için öneriler alabileceklerdi, bu da tamamen yeni proteinler yaratmalarına olanak tanıyacaktı.

BAKER, BİR PROTEİN YAPICISI OLUYOR

Protein tasarımı alanı-araştırmacıların yeni işlevlere sahip özel proteinler yarattığı alan-1990'ların sonunda hız kazanmaya başladı. Birçok durumda, araştırmacılar mevcut proteinleri modifiye ederek, zararlı maddeleri parçalamak ya da kimya endüstrisinde araçlar olarak işlev görmek gibi işler yapmalarını sağladılar.

Ancak, doğal proteinlerin yelpazesi sınırlıdır. Tamamen yeni işlevlere sahip proteinler elde etme potansiyelini artırmak için, Baker'ın araştırma grubu bu proteinleri sıfırdan yaratmak istiyordu. Baker, "Eğer bir uçak inşa etmek istiyorsanız, bir kuşu modifiye ederek başlamazsınız; bunun yerine aerodinamiğin ilk prensiplerini anlarsınız ve bu prensiplere göre uçan makineler yaparsınız." demiştir.



Top7-Mevcut tüm bilinen proteinlerden tamamen farklı olan ilk protein

EŞİ BENZERİ OLMAYAN BİR PROTEİN GÜN YÜZÜNE ÇIKIYOR

Tamamen yeni proteinlerin inşa edildiği alan 'de novo tasarım' olarak adlandırılır. Araştırma grubu, tamamen yeni bir yapıya sahip bir protein tasarladı ve ardından Rosetta, istenilen proteinle sonuçlanabilecek amino asit dizisi türünü hesapladı. Bunu yapmak için Rosetta, bilinen tüm protein yapılarının bulunduğu bir veritabanını taradı ve istenilen yapıya benzeyen proteinlerin kısa parçalarını aradı. Proteinlerin enerji manzarasına dair temel bilgileri kullanarak Rosetta bu parçaları optimize etti ve bir amino asit dizisi önerdi.

Yazılımın ne kadar başarılı olduğunu araştırmak için, Baker'ın araştırma grubu önerilen amino asit dizisi için geni bakterilere tanıttı ve bakteriler bu istenilen proteini ürettiler. Ardından X-ışını kristalografisi kullanarak protein yapısını belirlediler.

Sonuç olarak, Rosetta gerçekten proteinleri inşa edebiliyordu. Araştırmacıların geliştirdiği Top7 proteini, tasarladıkları yapı ile neredeyse tamamen aynıydı.

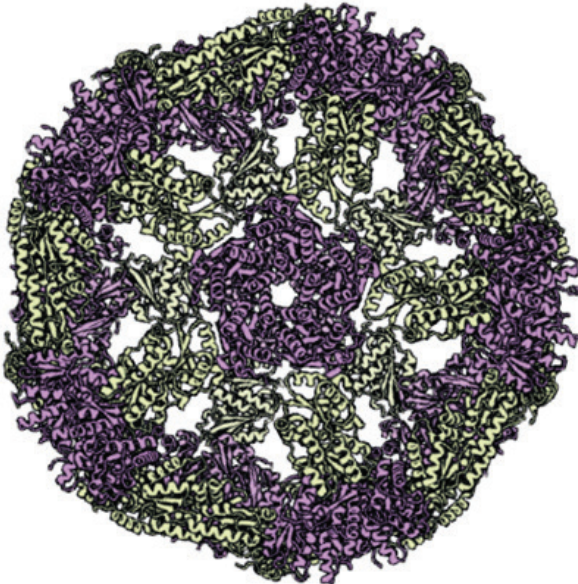
BAKER'IN LABORATUVARINDAN ETKİLEYİCİ YARATIMLAR

Top7, protein tasarımı üzerinde çalışan araştırmacılar için oldukça önemli bir etki

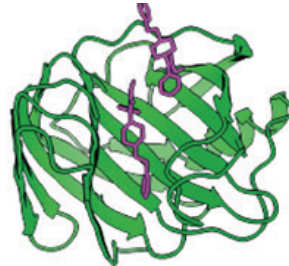
yarattı. Daha önce de novo proteinler yaratanlar yalnızca mevcut yapıları taklit edebilmişlerdi. Top7'nin benzersiz yapısı doğada yoktu. Ayrıca 93 amino asidi ile de novo tasarım kullanılarak daha önce üretilen her şeyden daha büyük bir proteindi.

Baker, 2003 yılında bu keşfini yayınladı. Bu, yalnızca olağanüstü bir gelişmenin başlangıcı olarak tanımlanabilecek bir adımın ilkiydi. Ayrıca Rosetta'nın kodunu serbest bıraktı, böylece küresel bir araştırma topluluğu yazılımı geliştirmeye ve yeni uygulama alanları bulmaya devam etti.

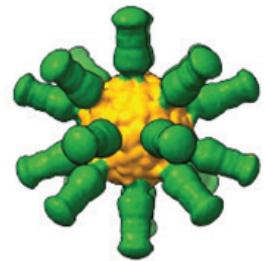
2024 Nobel Kimya Ödülü'nü toplama zamanı geldi. "Şimdi ne olacak?"



2016: 120'ye kadar proteinin kendiliğinden birbirine bağlandığı yeni nanomalzemeler



2017: Fentanil (mor) adı verilen bir opioide bağlanan proteinler. Bunlar, ortamda fentanil tespit etmek için kullanılabilir.



2021: Yüzeyinde influenza virüsünü taklit eden proteinler (yeşil) bulunan nanopartiküller (sarı) influenza aşısı olarak kullanılabilir. Hayvan modellerinde başarılıdır.



2022: Moleküler rotor gibi işlev gören proteinler



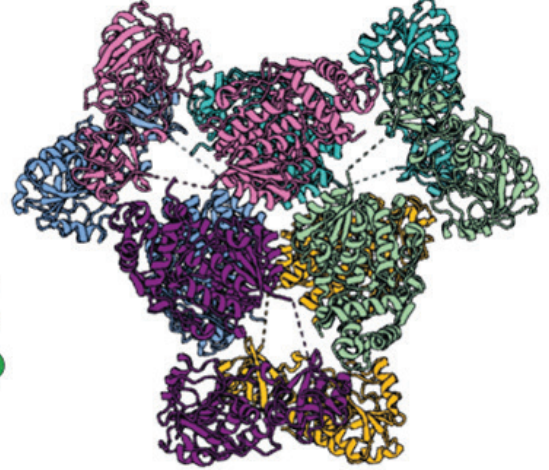
2024: Dış etkiler nedeniyle şekillerini değiştirebilen geometrik şekilli proteinler. Küçük sensörler üretmek için kullanılabilir.



2022: İnsan vücudundaki devasa bir moleküler yapının parçası. Hücre çekirdeğini çevreleyen zarın üzerinde protein bir gözenek oluşturuyor.



2022: Plastiği parçalayabilen doğal enzimler. Amaç, plastiği geri dönüştürmek için kullanılacak proteinler tasarlamak.



2023: Antibiyotik direncine neden olan bir bakteri enzimi. Yapısı antibiyotik direncini önlemenin yollarını keşfetmek için önemlidir.

AlphaFold2 kullanılarak belirlenen protein yapıları

YILLAR SÜREN ÇALIŞMA ARTIK SADECE BİRKAÇ DAKİKA ZAMAN ALIYOR

Demis Hassabis ve John Jumper, AlphaFold2'nin gerçekten işe yaradığını doğruladıklarında, tüm insan proteinlerinin yapısını hesapladılar. Ardından, bilim insanlarının şimdiye kadar keşfettikleri 200 milyon proteinin neredeyse tamamının yapısını tahmin ettiler.

Google DeepMind ayrıca AlphaFold2'nin kodunu herkese açık hale getirdi, böylece herkes ona erişebilir. Yapay zekâ modeli araştırmacılar için bir altın madeni haline geldi. 2024 yılı Ekim ayına kadar, AlphaFold2, 190 ülkeden iki milyondan fazla kişi tarafından kullanıldı. Daha önce bir pro-

tein yapısının elde edilmesi yıllar alıyordu, hatta bazen hiç elde edilemiyordu. Şimdi bu birkaç dakika içinde yapılabiliyor. Yapay zekâ modeli mükemmel olmasa da ürettiği yapının doğruluğunu tahmin ediyor, bu yüzden araştırmacılar tahminin ne kadar güvenilir olduğunu biliyorlar.

2020 CASP yarışmasından sonra, David Baker, transformer tabanlı yapay zekâ modellerinin potansiyelini fark ettiğinde, Rosetta'ya bir yenisini ekledi. Bu da de novo protein tasarımını daha da kolaylaştırdı. Son yıllarda, Baker'ın laboratuvarından biri diğerinden inanılmaz protein yaratımları çıktı.

İNSANLIĞIN YARARINA BAŞ DÖNDÜRÜCÜ GELİŞME

Proteinlerin kimyasal araçlar olarak muazzam çok yönlülüğü, yaşamın muazzam

çeşitliliğini yansıtır. Bu küçük moleküler makinelerin yapısını bu kadar kolay bir şekilde görselleştirebilmemiz akıllara durgunluk veriyor. Bu, yaşamın nasıl işlediğini daha iyi anlamamızı sağlıyor, bazı hastalıkların neden geliştiğini, antibiyotik direncinin nasıl oluştuğunu veya bazı mikropların neden plastiği parçalayabildiğini anlıyoruz.

Yeni işlevlerle yüklü proteinler yaratma yeteneği de aynı derecede hayranlık vericidir. Bu, yeni nanomalzemeler, hedeflenmiş ilaçlar, daha hızlı aşı geliştirme, minimal sensörler ve daha yeşil bir kimya endüstrisi gibi insanlığa büyük faydalar sağlayabilecek birçok uygulamaya yol açabilir.

1901-2024 NOBEL KİMYA ÖDÜLÜ İSTATİSTİKLERİ



Nobel Kimya Ödülü

1901-2024

İki ödül sahibi daha önce
iki kez bu ödüle
layık görüldü.

Kimya ödülünün bir/iki/üç
kişiye paylaştırıldığı sayı

En yaşlı

97

28 



En genç

35

25 

63 

Kimya ödülleri

116

Kimya ödülü sahipleri

195

NOBEL ÖDÜLÜ

