

Recepción: 27.02.2026

Revisión: 25.03.2026

Publicación: 08.05.2026

<https://orcid.org/0009-0002-9784-1529>

<https://orcid.org/0009-0006-6558-7940>

<https://orcid.org/0000-0003-1719-5011>

DESCIFRANDO LA FORMA DE LA VIDA: DEL MODELADO POR HOMOLOGÍA A LA REVOLUCIÓN DE ALPHAFOLD

DECIPHERING THE SHAPE OF LIFE: FROM HOMOLOGY
MODELING TO THE ALPHAFOLD REVOLUTION

Miguel Abel Salazar Hernández*

Naomi Núñez Abrech

Jorge Lozano Aponte

Tecnológico de Monterrey, Campus Puebla. Escuela de
Ingeniería y Ciencias, Departamento de Bioingeniería. Salón
2309, Edificio Aulas 2.
Vía Atlixcáyotl No. 5718, Reserva Territorial Atlixcáyotl, C.P.
72453, Puebla, Puebla, México.

Correos:

A01737286@tec.mx

A01737393@tec.mx

jorge.lozanoaponte@tec.mx

Resumen

El presente artículo presenta la herramienta AlphaFold, una innovación de DeepMind que ha transformado la predicción de estructuras de proteínas mediante inteligencia artificial. Tradicionalmente, determinar la conformación tridimensional de una proteína solía depender de técnicas experimentales complejas, costosas y lentas como cristalografía de rayos X, resonancia magnética nuclear o criomicroscopía electrónica. Aunque el modelado por homología aportó avances, no podía abarcar la enorme cantidad de secuencias disponibles. AlphaFold revolucionó este campo al predecir estructuras directamente a partir de la secuencia de aminoácidos con una precisión comparable a métodos experimentales, generando más de 200 millones de modelos y superando por mucho las 245 mil estructuras del Protein Data Bank en 2025. Su impacto en la biomedicina ya es evidente: permitió identificar dominios funcionales en proteínas de *Plasmodium falciparum*, abriendo nuevas vías contra la malaria, y facilitó el estudio de interacciones de la proteína Ras, relevante en múltiples cánceres. Por esta revolución científica, Hassabis, Jumper y Baker recibieron el Premio Nobel de Química 2024. AlphaFold ha acelerado el diseño de fármacos, la ingeniería de proteínas y la comprensión molecular de enfermedades, consolidando a la inteligencia artificial como un pilar central de la biología estructural moderna.

Palabras clave: proteínas, enzimas, modelado por homología, AlphaFold

Abstract

This article presents AlphaFold, the artificial intelligence innovation developed by DeepMind that has transformed protein structure prediction. Traditionally, determining the three-dimensional conformation of a protein depended on experimental techniques such as X-ray crystallography, NMR, and cryo-EM, all of which are complex, expensive, and time-consuming. Although homology modeling provided important advances, it could not keep pace with the vast number of available sequences. AlphaFold revolutionized the field by predicting 3D structures directly from amino acid sequences with accuracy comparable to experimental methods, generating more than 200 million models and far surpassing the 245,000 structures in the Protein Data Bank in 2025. Its impact on biomedicine is already evident: it enabled the identification of functional domains in *Plasmodium falciparum* proteins, opening new avenues for antimalarial strategies, and facilitated the study of Ras protein interactions, a key factor in multiple cancers. For this scientific breakthrough, Hassabis, Jumper, and Baker received the 2024 Nobel Prize in Chemistry. AlphaFold has accelerated drug design, protein engineering, and the molecular understanding of diseases, establishing artificial intelligence as a central pillar of modern structural biology.

Keywords: Proteins, enzymes, homology modeling, AlphaFold

Quando la IA revela lo invisible: la revolución de AlphaFold

Imagina poder desentrañar los secretos íntimos de las moléculas de la vida sin necesidad de esperar años en laboratorios complejos. En la actualidad, la humanidad, a través de inteligencia artificial ha conseguido lo impensable: predecir la estructura tridimensional de casi todas las proteínas que conocemos, sólo a partir de su secuencia de aminoácidos. Este avance, liderado por DeepMind con su herramienta AlphaFold, es más que un logro técnico, es una revolución en el mundo de la biología que está transformando la ciencia, la medicina y nuestra comprensión de la vida misma.

¿Qué son las proteínas y las enzimas y por qué es relevante su estudio?

Las proteínas son diminutas máquinas a nivel molecular en nuestro cuerpo, ya sean enzimas que digieren comida en nuestro estómago, anticuerpos que luchan contra virus, o incluso hemoglobina que transporta oxígeno en la sangre. Cada proteína está compuesta por una secuencia de aminoácidos, los bloques de construcción que determinan su forma tridimensional única (Alberts et al., 2002), como un rompecabezas 3D, y esa forma es clave para su función.

¿Cómo y para qué conocer la "forma" o estructura de una proteína o enzima?

Conocer la forma tridimensional de una proteína permite entender cómo funciona y diseñar fármacos que se ajusten a ella como una llave en una cerradura. Tradicionalmente, esa forma se obtiene "fotografiando" la molécula mediante técnicas experimentales como la cristalografía de Rayos X (RX), la resonancia magnética nuclear (NMR) y la criomicroscopía electrónica (cryo-EM). Aunque estas técnicas han resuelto decenas de miles de estructuras durante décadas en la ciencia, cada una tiene limitaciones prácticas que hacen que la solución no sea siempre posible. La cristalización necesaria para RX suele ser imprecisa y muchas proteínas no forman cristales (Davis et al., 2008); NMR es complicada con proteínas grandes por pér-

dida de señal (Belsom et al., 2016); cryo-EM, pese a sus grandes avances, tiene problemas con regiones muy flexibles o proteínas pequeñas (D'Imprima & Kühlbrandt, 2021). Por eso, determinar estructuras experimentales sigue siendo costoso, laborioso y en ciertos casos infructuoso, y fue precisamente este cuello de botella el que impulsó el desarrollo de métodos computacionales como AlphaFold.

¿Qué es el modelado por homología? Un Truco Inteligente de la Ciencia

Aquí entra el modelado por homología. "Homología" viene del griego y significa "semejanza". Si dos proteínas de especies diferentes (como un humano y un ratón) comparten al menos un 30% de similitud en su secuencia de aminoácidos, podemos usar la estructura 3D conocida de una como plantilla para predecir la de la otra, ajustando las diferencias con algoritmos informáticos (Xiang, 2006; Johnson et al., 2008; Kolinski, 2000). Esto acelera el proceso enormemente para predecir la forma tridimensional de proteínas desconocidas, ya que no necesitas experimentar con cada proteína nueva desde cero.

AlphaFold: El Campeón de la Predicción de Estructuras

AlphaFold, desarrollado por DeepMind en 2018, llegó para cambiar radicalmente el panorama. Esta herramienta de inteligencia artificial, basada en redes neuronales profundas que imitan el cerebro humano, predice formas tridimensionales de las proteínas con una precisión asombrosa, casi como si pudiera "ver" las proteínas antes de que existan (Senior et al., 2019). En 2020, AlphaFold sorprendió al mundo al resolver el desafío CASP (Critical Assessment of Protein Structure Prediction) en su 14ª edición, prediciendo estructuras con una exactitud comparable a métodos experimentales. ¿Cómo lo hace? Entrena con miles de proteínas cuya estructura ya se conoce y, a partir de ellas, identifica patrones de plegamiento; compara la nueva proteína con secuencias similares para inferir cómo interactúan sus aminoácidos y, con ayuda de una red neuronal avanzada, construye directamente un modelo tridimensional que luego ajusta para obtener la forma final más probable (Senior et al., 2019).

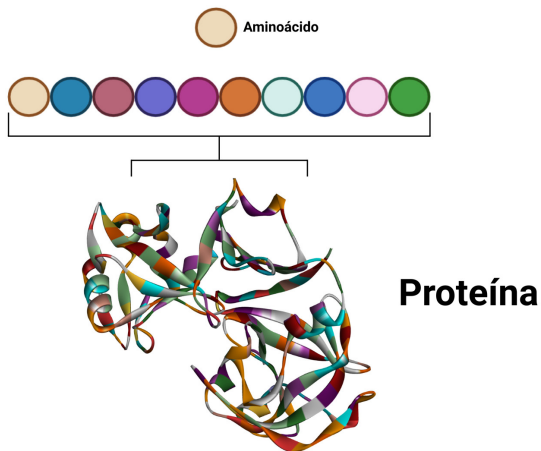


Figura 1. Relación entre la secuencia lineal de aminoácidos y la estructura tridimensional de la enzima digestiva pepsina. Los aminoácidos (círculos de distintos colores) se ensamblan en una cadena lineal que, al plegarse, adquiere una conformación tridimensional específica que determina la función de la proteína. Elaboración propia con el software Discovery Studio 2025 y la plataforma de diseño Canva <https://canva.link/htd8gr80qjg7xaz>.

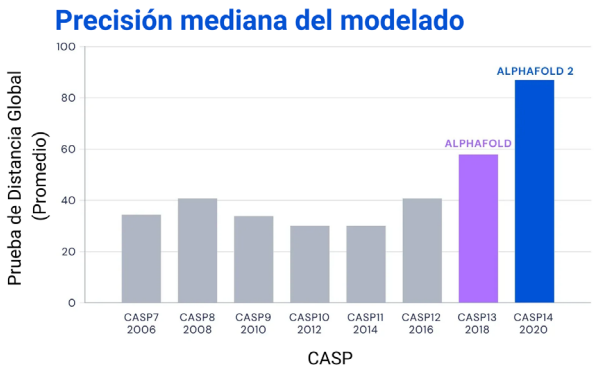


Figura 2. Precisión mediana del modelado de proteínas en distintas ediciones del CASP. El eje vertical muestra el puntaje de la Prueba de Distancia Global (GDT, por sus siglas en inglés), una métrica que evalúa la exactitud estructural comparando el modelo predicho de la proteína con la estructura real; valores más altos indican mayor coincidencia. Un puntaje superior a 90 se considera aproximadamente igual a una estructura de proteína determinada experimentalmente (DeepMind, 2020) <https://deepmind.google/blog/alpha-fold-a-solution-to-a-50-year-old-grand-challenge-in-biology/>

Su importancia radica en que, experimentalmente, las estructuras 3D de las proteínas (la forma funcional) se resuelven mediante técnicas como la cristalografía de rayos X, la resonancia magnética nuclear y la criomicroscopía electrónica, que poseen limitaciones para capturar la imagen real de las proteínas, por lo que no es sorpresa que el número de proteínas con estructuras resueltas sea pequeño, teniendo solo 245,013 entradas en el PDB (Protein Data Bank, la base de datos principal de estructuras de proteínas) en 2025, comparado con las 245 millones de

secuencias de proteínas conocidas en UniProtKB, la mayor base de datos de secuencias de proteínas (RCSB Protein Data Bank, 2025; Bateman et al., 2024). El modelado mediante AlphaFold apareció para llenar esos huecos, logrando que hasta el día de hoy se hayan resuelto más de 200 millones de estructuras de proteínas, cubriendo casi todas las proteínas conocidas en el planeta (AlphaFold Protein Structure Database, 2021; Callaway 2022). Sin el desarrollo de esta tecnología, el progreso sería como caminar en la niebla: lento y arriesgado.

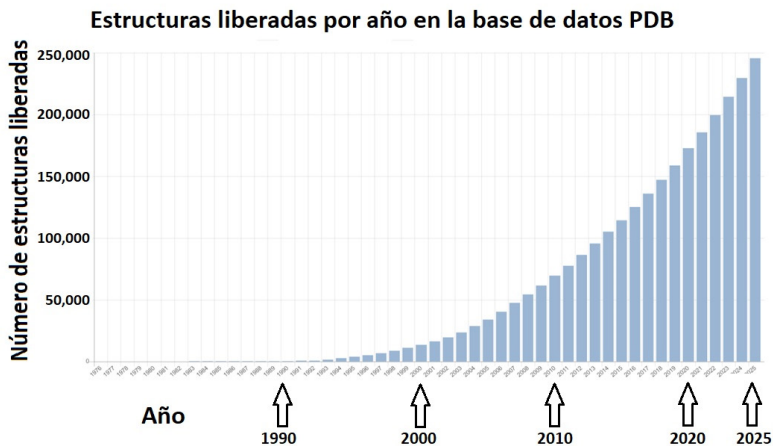


Figura 3. Crecimiento acumulado del número de estructuras depositadas en el Protein Data Bank (PDB) por año. La gráfica muestra el aumento de estructuras macromoleculares desde 1976 hasta 2025, principalmente por los métodos de cristalografía de rayos X, resonancia magnética nuclear (NMR) y criomicroscopía electrónica (cryo-EM). Basado en RCSB Protein Data Bank (2025) <https://www.rcsb.org/stats/growth/growth-released-structures>

El Premio Nobel: Un Reconocimiento Merecido

En 2024, el Premio Nobel de Química fue otorgado a Demis Hassabis y John Jumper (de DeepMind) junto con David Baker (de la Universidad de Washington), por sus contribuciones a la predicción de estructuras de proteínas usando IA. Hassabis y Jumper lideraron AlphaFold, mientras que Baker desarrolló Rosetta, otro software de modelado (Nobel Prize in Chemistry, 2024). Este premio no es solo un

aplauso; es un hito que destaca cómo la fusión de biología y tecnología está cambiando el mundo. Antes de AlphaFold y Rosetta, predecir una estructura de proteína era como intentar resolver un rompecabezas de un millón de piezas sin ver la imagen de la caja: lento, costoso y a menudo fallido. Ahora, con estas herramientas, podemos "ver" proteínas que nunca se habían observado

experimentalmente, abriendo puertas a tratamientos médicos personalizados, vacunas más rápidas contra pandemias o incluso enzimas que combaten el cambio climático (Weng et al., 2022).

El Nobel reconoce que Hassabis, Jumper y Baker no solo predijeron estructuras, sino que pusieron la IA al servicio de la humanidad, transformando la teoría en aplicaciones reales que salvan vidas.

Tabla 1. Ventajas y desventajas del modelado de proteínas mediante AlphaFold.

Ventajas	Desventajas
Alta precisión estructural con datos robustos (Jumper et al., 2021).	Baja precisión en regiones flexibles o desordenadas (Ruff & Pappu, 2021).
Acelera el diseño de proteínas y fármacos (Yang et al., 2023).	Predice únicamente una sola forma de la proteína (Saldaño et al., 2022).
Aprende cómo debe ser la estructura de la proteína con tan solo la secuencia (Senior et al., 2019).	Incapaz de modelar ligandos, iones o ácidos nucleicos (Perrakis & Sixma, 2021).
Predicción precisa de interacciones proteína-proteína (Bryant et al., 2022; Yin et al., 2022).	No predice plegamientos que no estén previamente registrados en la base de datos (Bertoline et al., 2023).
Amplía la cobertura de proteínas humanas (Porta-Pardo et al., 2022).	Alta demanda computacional para funcionar (Bertoline et al., 2023).

¿Para qué se usa y por qué es relevante para las ciencias?

El modelado por homología mediante AlphaFold es crucial porque acelera el descubrimiento científico, como un atajo en un laberinto de misterios moleculares. Imagina que quieres diseñar un medicamento para una enfermedad rara, como una que afecta solo a unas pocas personas en el mundo. Muchas enfermedades, como el cáncer, aparecen cuando ciertas proteínas dejan de hacer bien su trabajo, lo que permite que algunas células comiencen a crecer sin control. En ese caso, si puedes predecir su estructura rápidamente usando modelado por homología, puedes diseñar fármacos que se "enganchen" a ellas como una llave en una cerradura, bloqueando su mal funcionamiento y restaurando el equilibrio en el cuerpo.

En los últimos 60 años, los científicos han podido utilizar métodos experimentales avanzados para determinar la estructura de más de 180 mil proteínas, por ejemplo, ayudando así a poder determinar la estructura de la hemoglobina para poder tratar la enfermedad de anemia falciforme con diferentes tratamientos, determinar la estructura de proteínas virales como SARS-Cov-2 y desa-

rollar su vacunar, determinar la estructura del centro de reacción fotosintética y poder ampliar el conocimiento y comprensión de la fotosíntesis de las plantas (AlphaFold, 2023).

Otro éxito notable es el uso de AlphaFold para descifrar la estructura de cientos de proteínas del parásito *Plasmodium falciparum* (causante de la malaria), cuyas funciones eran un completo misterio. Con estas estructuras en mano, aplicaron un método llamado DALI (*Distance-matrix ALIGNment*), que compara formas de proteínas incluso cuando sus secuencias no se parecen, algo así como reconocer que dos llaves abren puertas similares aunque estén hechas de materiales distintos. Este enfoque permitió identificar los dominios, los cuales son puntos de anclaje o interruptores de las proteínas, activando o desactivando funciones en la célula. De este modo, AlphaFold ofrece pistas valiosas sobre nuevas funciones y posibles puntos débiles del parásito, lo que a futuro podría ayudar en el desarrollo de tratamientos más precisos contra la malaria (Behrens & Spielmann, 2024). Asimismo, AlphaFold se convirtió en una herra-

mienta para entender cómo la proteína Ras (una de las más implicadas en el desarrollo de diversos cánceres) se conecta con otras moléculas que provocan el crecimiento de los tumores. En investigaciones usaron AlphaFold para predecir con gran precisión la forma tridimensional de diversos dominios de proteínas donde Ras se puede anclar. Lo notable es que esta tecnología pudo modelar estos dominios incluso cuando no existían estructuras experimentales previas, logrando calcular la

fuerza de unión entre Ras y cada dominio, lo que no sólo reveló qué interacciones podrían predominar dentro de las células tumorales. Este enfoque permitió acelerar la investigación sin depender de métodos experimentales lentos como la cristalografía, y abre la puerta al diseño de moléculas que bloqueen estas uniones clave, una estrategia prometedora para frenar tumores impulsados por Ras como los cánceres de páncreas, pulmón y colon (Junk & Kiel, 2023; Zhao & Zhao, 2025).

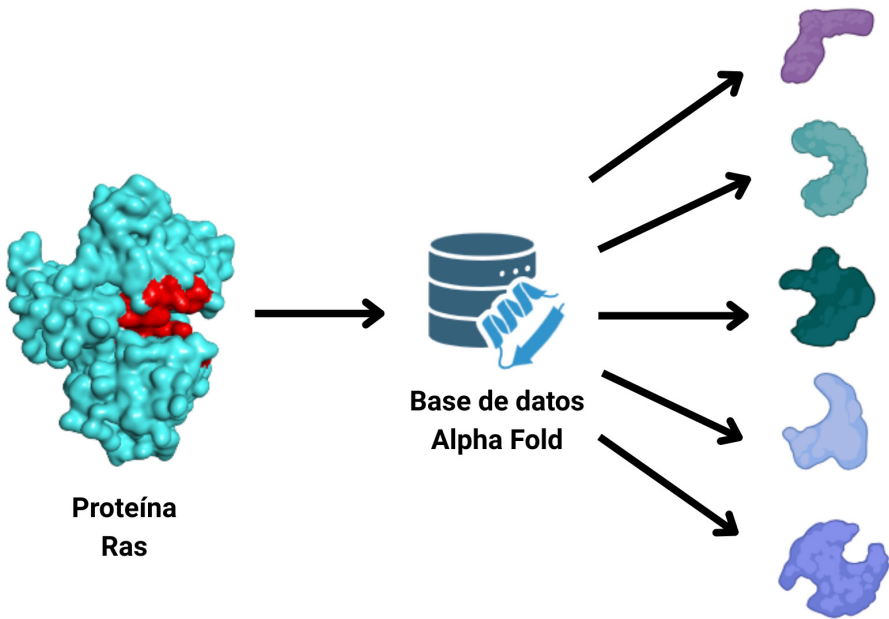


Figura 4. Representación esquemática del proceso mediante el cual AlphaFold predice posibles dominios proteicos capaces de unirse a Ras. A partir de la estructura tridimensional de Ras (cian) y su región de interacción clave (rojo), AlphaFold utiliza su base de datos y modelos de predicción para generar múltiples conformaciones de dominios candidatos. Elaboración propia con el software

ChimeraX y la plataforma de diseño Canva <https://canva.link/8mjdw22h9108k4j>.

Conclusiones

Durante décadas, descubrir la forma tridimensional de una proteína fue una tarea colosal que podía consumir años de trabajo en el laboratorio, y aún así no siempre daba resultados. El modelado por homología fue un primer paso ingenioso para acelerar ese proceso, pero llegó AlphaFold y lo cambió todo. Esta herramienta de inteligencia artificial es capaz de predecir la forma de una proteína con una precisión sorprendente, logrando en años lo que la ciencia tradicional no habría podido alcanzar en siglos, y abriendo posibilidades inimaginables como la identificación de puntos débiles en el parásito que causa la malaria o entender como ciertas proteínas impulsan el crecimiento de tumores can-

cerosos. No obstante, como cualquier herramienta, presenta ciertas limitaciones, ya que le resulta difícil analizar partes muy flexibles de las proteínas, sólo puede predecir una forma por proteína cuando en realidad estas pueden moverse y cambiar, únicamente puede predecir estructuras similares a las que ya conoce y necesita computadoras muy potentes para funcionar. Estas limitaciones nos recuerdan que AlphaFold es un poderoso punto de partida, no una solución definitiva. Aún así representa una nueva forma de hacer ciencia, una en la que la inteligencia artificial y la biología trabajan juntas para revelar los secretos más profundos de la vida y ponerlos al servicio de la humanidad.

Conflicto de intereses

Los autores de este manuscrito declaran no tener ningún tipo de conflicto de interés.

Declaración de privacidad

Los datos de este artículo, así como los detalles técnicos para la realización del experimento, se pueden compartir a solicitud directa con el autor de correspondencia.

Los datos personales facilitados por los autores a RD-ICUAP se usarán exclusivamente para los fines declarados por la misma, no estando disponibles para ningún otro propósito ni proporcionados a terceros.

Descargo de Responsabilidad (Inteligencia Artificial) Los autores declaran por la presente que NO se han utilizado tecnologías de IA generativa, tales como modelos de lenguaje grandes (ChatGPT, COPILOT, etc.) y generadores de texto a imagen, durante la redacción o edición de este manuscrito.

Agradecimientos

Nuestro más sincero agradecimiento al Dr. Julián Alejandro Yunes Rojas, Dra. Laura Abisai Pazos Rojas y Dra. Irma Cruz Solís, cuya invaluable formación académica, experiencia y guía han sido esenciales para la realización de este artículo.

Referencias

- Alberts, B., Johnson, A., Lewis, J., Raff, M., Roberts, K., & Walter, P. (2002). *Molecular Biology of the Cell*. Nih.gov; Garland Science. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK26830/>
- AlphaFold Protein Structure Database (2021). AlphaFold Protein Structure Database. Ebi.ac.uk. <https://alphafold.ebi.ac.uk/about>
- AlphaFold (2023). ¿Por qué es importante poder predecir la estructura 3D de una proteína? AlphaFold. <https://alphafold.ebi.ac.uk/about#nav-content-3>
- Bateman, A., Martin, M.-J., Orchard, S., Magrane, M., Adesina, A., Ahmad, S., Bowler-Barnett, E. H., Hema Bye-A-Jee, Carpentier, D., Denny, P., Fan, J., Garmiri, P., Jose, L., Hussein, A., Alexandr Ignatchenko, Insana, G., Rizwan Ishtiaq, Joshi, V., Dushyanth Jyothi, & Swaathi Kandasamy. (2024). UniProt: the Universal Protein Knowledgebase in 2025. *Nucleic Acids Research*, 53(D1), D609–D617. <https://doi.org/10.1093/nar/gkae1010>
- Behrens, H. M., & Spielmann, T. (2024). Identification of domains in *Plasmodium falciparum* proteins of unknown function using DALI search on AlphaFold predictions. *Scientific Reports*, 14(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-024-60058-x>
- Belsom, A., Schneider, M., Fischer, L., Brock, O., & Rappsilber, J. (2016). Serum Albumin Domain Structures in Human Blood Serum by Mass Spectrometry and Computational Biology. *Molecular & Cellular Proteomics*, 15(3), 1105–1116. <https://doi.org/10.1074/mcp.m115.048504>
- Bertoline, L. M. F., Lima, A. N., Krieger, J. E., & Teixeira, S. K. (2023). Before and after AlphaFold2: An overview of protein structure prediction. *Frontiers in Bioinformatics*, 3. <https://doi.org/10.3389/fbinf.2023.1120370>
- Bryant, P., Pozzati, G., & Elofsson, A. (2022). Improved prediction of protein-protein interactions using AlphaFold2. *Nature Communications*, 13(1). <https://doi.org/10.1038/s41467-022-28865-w>
- Callaway, E. (2022). The entire protein universe: AI predicts shape of nearly every known protein. *Nature*, 608, 15–16.
- Davis, A. M., St-Gallay, S. A., & Kleywegt, G. J. (2008). Limitations and lessons in the use of X-ray structural information in drug design. *Drug discovery today*, 13(19-20), 831–841. <https://doi.org/10.1016/j.drudis.2008.06.006>
- DeepMind (2020). AlphaFold: A solution to a 50-year-old grand challenge in biology. <https://deepmind.google/blog/alphafold-a-solution-to-a-50-year-old-grand-challenge-in-biology/>
- D'Imprima, E., & Kühlbrandt, W. (2021). Current limitations to high-resolution structure determination by single-particle cryoEM. *Quarterly Reviews of Biophysics*, 54, e4. <https://doi.org/10.1017/s0033583521000020>
- Johnson, M. S., Srinivasan, N., Sowdhamini, R., & Blundell, T. L. (2008). Knowledge-Based Protein Modeling. *Critical Reviews in Biochemistry and Molecular Biology*, 29(1), 1–68. <https://doi.org/10.3109/10409239409086797>
- Jumper, J., Evans, R., Pritzel, A., Green, T., Figurnov, M., Olaf Ronneberger, Tunyasuvunakool, K., Bates, R., Augustin Židek, Potapenko, A., Bridgland, A., Meyer, C., Simon, Ballard, A. J., Cowie, A., Bernardino Romera-Paredes, Nikolov, S., Jain, R., Adler, J., & Back, T. (2021). Highly accurate protein structure prediction with AlphaFold. *Nature*, 596(7873), 583–589. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-03819-2>

- Junk, P., & Kiel, C. (2023). Structure-based prediction of Ras-effector binding affinities and design of “branchegetic” interface mutations. *Structure*, 31(7), 870–883.e5. <https://doi.org/10.1016/j.str.2023.04.007>
- Kolinski, A., Rotkiewicz, P., Iłkowski, B., & Skolnick, J. (2000). A method for the improvement of threading-based protein models. *Proteins: Structure, Function, and Genetics*, 37(4), 592–610. [https://doi.org/10.1002/\(SICI\)1097-0134\(19991201\)37:4](https://doi.org/10.1002/(SICI)1097-0134(19991201)37:4)
- Nobel Prize in Chemistry (2024). NobelPrize.org. Recuperado de <https://www.nobelprize.org/prizes/chemistry/2024/summary/>
- Perrakis, A., & Sixma, T. K. (2021). AI revolutions in biology. *EMBO Reports*, 22(11). <https://doi.org/10.15252/embr.202154046>
- Porta-Pardo, E., Ruiz-Serra, V., Valentini, S., & Valencia, A. (2022). The structural coverage of the human proteome before and after AlphaFold. *PLoS computational biology*, 18(1), e1009818. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1009818>
- RCSB Protein Data Bank (2025). PDB Statistics: Overall Growth of Released Structures Per Year. PDB. <https://www.rcsb.org/stats/growth/growth-released-structures>
- Saldaño, T., Escobedo, N., Marchetti, J., Zea, D. J., Mac Donagh, J., Vélez Rueda, A. J., Gonik, E., García Melani, A., Novomisky Nechcoff, J., Salas, M. N., Peters, T., Demitroff, N., Fernández Alberti, S., Palopoli, N., Fornasari, M. S., & Parisi, G. (2022). Impact of protein conformational diversity on AlphaFold predictions. *Bioinformatics*, 38(10), 2742–2748. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btac202>
- Senior, A. W., Evans, R., Jumper, J., Kirkpatrick, J., Sifre, L., Green, T., Qin, C., Židek, A., Nelson, A. W. R., Bridgland, A., Penedones, H., Petersen, S., Simonyan, K., Crossan, S., Kohli, P., Jones, D. T., Silver, D., Kavukcuoglu, K., & Hassabis, D. (2019). Protein structure prediction using multiple deep neural networks in the 13th Critical Assessment of Protein Structure Prediction (CASP13). *Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics*, 87(12), 1141–1148.
- Weng, Y., Pan, C., Shen, Z., Chen, S., Xu, L., Dong, X., & Chen, J. (2022). Identification of Potential WSB1 Inhibitors by AlphaFold Modeling, Virtual Screening, and Molecular Dynamics Simulation Studies. *Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine*, 2022, 1–11. <https://doi.org/10.1155/2022/4629392>
- Xiang, Z. (2006). Advances in Homology Protein Structure Modeling. *Current Protein and Peptide Science*, 7(3), 217–227. <https://doi.org/10.2174/138920306777452312>
- Yang, Z., Zeng, X., Zhao, Y., & Chen, R. (2023). AlphaFold2 and its applications in the fields of biology and medicine. *Signal Transduction and Targeted Therapy*, 8(1), 115–115. <https://doi.org/10.1038/s41392-023-01381-z>
- Yin, R., Feng, B. Y., Varshney, A., & Pierce, B. G. (2022). Benchmarking AlphaFold for protein complex modeling reveals accuracy determinants. *Protein Science*, 31(8). <https://doi.org/10.1002/pro.4379>
- Zhao, G., & Zhao, Y. (2025). Unveiling KRAS mutant structures with AlphaFold 3: New avenues for targeted cancer therapy. *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2025.05.16.654380>