

L'intelligence artificielle fait un pas de géant dans le problème de la structure des protéines

Le programme d'apprentissage profond de DeepMind pour déterminer la structure tridimensionnelle des protéines, nommé « AlphaFold », pourrait transformer la biologie.

Un réseau de neurones artificiels développé par DeepMind, la branche de Google consacrée à l'intelligence artificielle (IA), a fait un bond en avant vers la résolution de l'un des plus grands défis de la biologie : déterminer la forme 3D d'une protéine à partir de sa séquence d'acides aminés.

Le programme de DeepMind, nommé *AlphaFold*, a surpassé une centaine d'autres équipes dans une compétition biennale de prédiction de la structure des protéines appelée « CASP » (*Critical assessment of structure prediction*). Les résultats ont été annoncés le 30 novembre, au début de la conférence – virtuelle cette année – qui présente le bilan de cet exercice.

« C'est une grosse affaire », déclare John Moult, bioinformaticien à l'université du Maryland à College Park, qui a cofondé le concours CASP en 1994 pour améliorer les méthodes de calcul visant à prédire la structure des protéines. « Dans un certain sens, le problème est résolu. »

LIRE L'ARTICLE