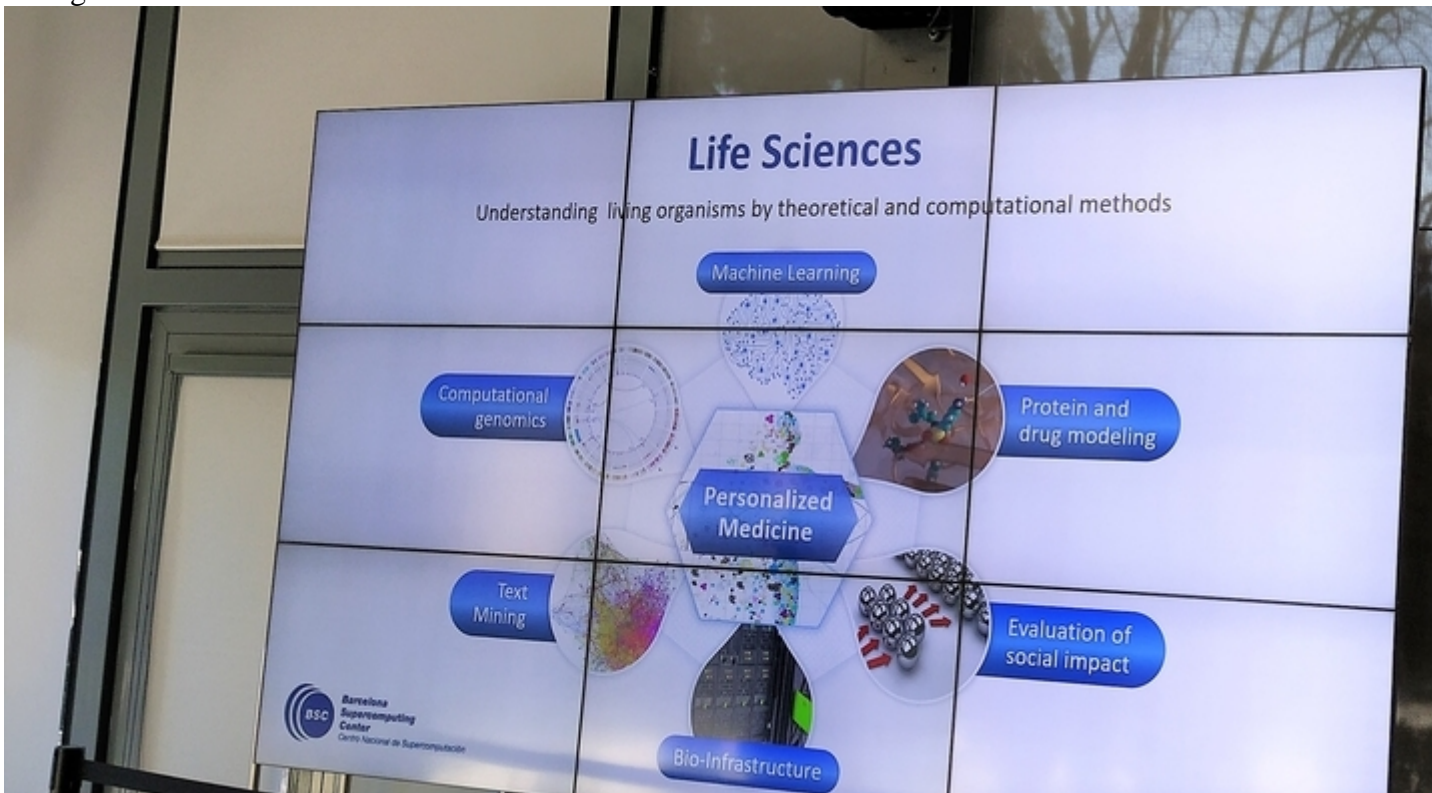


[Inici](#) > "Deepmind acaba de demostrar que la IA té un valor incalculable per entendre el funcionament de la vida"

"Deepmind acaba de demostrar que la IA té un valor incalculable per entendre el funcionament de la vida"

Alfonso Valencia forma part del jurat que ha verificat els sorprenents resultats de DeepMind, companyia germana de Google, a l'hora de predir l'estructura de les proteïnes, un dels problemes més complexos de la biologia actual.



"Deepmind acaba de demostrar que la Intel·ligència Artificial té un valor incalculable per entendre el funcionament de la vida i tindrà un paper clau en la lluita contra les malalties i altres grans reptes de la humanitat", afirma Alfonso Valencia, professor Icrea i director de Departament de Ciències de la Vida del Barcelona Supercomputing Center - Centro Nacional de Supercomputación (BSC).

Valencia, amb una llarga carrera en bioinformàtica i amb articles molt rellevants sobre com estudiar l'estructura de les proteïnes, forma part del jurat de CASP-14, una competició internacional de llarga tradició davant la qual DeepMind ha mostrat els resultats del seu programa AlphaFold, dedicat a la predicció de les estructures de les proteïnes.

Predir les estructures de les proteïnes a partir de la seva seqüència d'ADN és un problema extremadament complex i resoldre-ho és científicament molt rellevant, ja que d'aquestes estructures depenen la majoria dels processos biològics i conèixer-les és enormement útil, per exemple, per a comprendre malalties i poder combatre-les.

"El jurat s'ha mostrat completament sorprès pels resultats de DeepMind. El seu programa resol un dels reptes de la biologia dels darrers 50 anys. És equiparable a conèixer un segon codi genètic ", afirma el director de Ciències de la Vida del BSC.

DeepMind, que es va fer popular pels seus programes d'IA capaços de guanyar als campions mundials d'escacs o go, ha demostrat ser capaç de resoldre aquests problemes amb un programa basat en Machine Learning i Deep Learning.

"La intel·ligència artificial permet a la biologia (com a la majoria de branques de la ciència a hores d'ara) fer un salt de magnitud a força de correlacionar grans quantitats de dades", explica Valencia.

No obstant això, tot i que el potencial d'ús de la IA per a la investigació científica, és enorme i apreciat per la comunitat, els resultats obtinguts a través d'aquestes tecnologies no són resultats avalats pel mètode científic. "Ens permeten obtenir resultats, però no expliquen els processos pels quals s'han produït", afirma València. "Entendre com l'ADN d'una proteïna té com a resultat una determinada estructura, és una pregunta que encara no podem respondre", afirma.

Alfonso Valencia és autor d'un dels articles més citats entre els estudiosos de l'estructura de les proteïnes [1] en el qual es comença a dibuixar el mètode pel qual es pot desxifrar la relació entre les seqüències d'aminoàcids d'una proteïna i la seva estructura i funcions.

Valencia forma part del jurat de CASP Critical Assessment of Techniques for Protein Structure Prediction, una competició internacional entre grups de recerca per avaluar mètodes de predicció d'estructura de proteïnes que es porta a terme cada dos anys amb l'objectiu d'avançar en aquest camp de la biologia. Aquest any, al costat d'Alfonso Valencia, han participat en el jurat de CASP les investigadores del BSC Alba Lepore, Camila Pontes, Victòria Isabel Ruiz i Edoardo Milanetti.

-
1. "Correlated mutations and residue contacts in proteins". [Ulrike Göbel](#), [Chris Sander](#), [Reinhard Schneider](#), [Alfonso Valencia](#). Proteins , April 1994. <https://doi.org/10.1002/prot.340180402>

Barcelona Supercomputing Center - Centro Nacional de Supercomputación

Source URL (retrieved on 12 ago 2024 - 08:39): <https://www.bsc.es/ca/noticies/noticies-del-bsc/deepmind-acaba-de-demostrar-que-la-ia-t%C3%A9-un-valor-incalculable-entendre-el-funcionament-de-la-vida>