FICHE DE PRÉSENTATION · GRAND PUBLIC

La forme des protéines, prédite par une intelligence artificielle — **AlphaFold**

D'après l'étude publiée dans la revue *Nature* en 2021 (Jumper et al.). Une explication qui n'assume aucune connaissance scientifique : chaque terme y est traduit.

1 LE PROBLÈME

Notre corps fabrique des milliers de **protéines** : des petites machines qui digèrent, respirent, défendent. Chacune agit grâce à sa **forme en trois dimensions**. Or mesurer cette forme demande des techniques de laboratoire lourdes. Beaucoup de protéines n'ont donc jamais eu leur forme mesurée.

2 L'INNOVATION

AlphaFold **prédit** cette forme à partir de la seule liste des briques qui composent la protéine — les **acides aminés**, enfilés comme des perles sur un collier. Le temps de calcul dépend de la taille de la protéine, de la puissance de l'ordinateur et des réglages choisis, avec en plus des étapes de préparation et de traitement.

0,96 Å

Å = ÅNGSTRÖM

LES PREUVES

Lors d'une évaluation publique et indépendante, la forme prédite était, **pour la moitié des positions**, à moins de 0,96 ångström de la forme réelle — un ångström, c'est environ la largeur d'un atome. Chaque partie de la prédiction porte aussi un **score de confiance** : on sait où elle est solide et où la prudence s'impose (Jumper et al., *Nature*, 2021).

3 À QUOI CELA SERT

Partir d'une forme crédible pour **préparer une expérience**, sans attendre qu'une cristallisation aboutisse. Et savoir, grâce au score de confiance, où lire la prédiction avec prudence. La prédiction **guide** les expériences ; elle ne les remplace pas.

4 LES LIMITES

La précision baisse quand peu de protéines proches sont connues, et pour les chaînes dont la forme dépend surtout de leurs contacts avec d'autres molécules. **Une prédiction n'est pas une mesure** : elle doit être confrontée à des expériences adaptées à l'usage envisagé.

Source : Jumper, J. et al. « Highly accurate protein structure prediction with AlphaFold », *Nature* 596, 583–589 (2021). DOI : 10.1038/s41586-021-03819-2 — https://doi.org/10.1038/s41586-021-03819-2

Studio de valorisation scientifique
Jennifer Pasquier, docteure et HDR en biologie