

Folding@Home, un projet scientifique généreux - 1/2

Popularisés par le célèbre Seti@home, les projets distribués fleurissent sur le net. Dans la lignée du Décryphon, Folding@home est actuellement le projet distribué le plus prometteur : il s'agit d'un projet biomédical qui étudie le repliement des protéines humaines afin de mieux comprendre et traiter de nombreuses maladies, comme celle de Creutzfeld-Jakob, d'Alzheimer, ou le cancer.

Depuis plusieurs années les chercheurs en biologie moléculaire ont démontré, par l'observation et l'expérimentation, que l'action d'une protéine est liée à sa forme en 3 dimensions.

L'état actuel des connaissances nous apprend que de nombreuses maladies, génétiques ou non, se traduisent par des anomalies dans la forme des protéines.

L'exemple le plus célèbre étant le prion (responsable de la tremblante du mouton, des maladies de la vache folle et de Creutzfeld-Jakob).

D'autres exemples de maladies impliquant une mauvaise conformation des protéines sont la maladie d'Alzheimer et de nombreux cancers.

Il est donc important, connaissant la formule chimique d'une protéine, de connaître également les différentes formes qu'elle peut prendre en se repliant, ceci pouvant déterminer son caractère "normal" ou "anormal", inoffensif ou pathogène.

Ce repliement étant trop rapide pour être observé "in vivo", une équipe de recherche de l'Université de Stanford, animée par le professeur Vijay Pande, le Pande Group, a décidé d'avoir recours à la simulation informatique pour remédier à cette impossibilité. Il s'agit du projet Folding@home.

Cette simulation nécessite une énorme puissance de calcul qui représente un investissement financier hors de portée de la plupart des services de recherche universitaires.

En se fondant sur le modèle adopté par l'Université de Berkeley pour le projet Seti@Home, Le Pande Group fait appel à la technique du calcul distribué qui consiste à "découper" en petites unités indépendantes les calculs à effectuer pour les répartir entre de très nombreux ordinateurs du type ordinateur personnel (Mac ou PC).

Pour obtenir la puissance de calcul nécessaire à un avancement rapide des recherches, le Pande Group fait appel, dans le monde entier, aux possesseurs d'ordinateurs personnels, disposant d'une connexion à l'Internet, pour offrir au projet la puissance inutilisée de leurs machines.

En effet, sur un plan statistique, on peut constater que près de 95% de la puissance des ordinateurs de type personnel est inemployée. En clair nos ordinateurs passent 95% de leur temps à attendre que nous leur fassions exécuter une tâche, laquelle tâche ne requiert que rarement la totalité de la puissance disponible.

Pour participer à ce projet il suffit de télécharger depuis le site de l'Université de Stanford un logiciel appelé "client" qui, une fois installé et configuré, va appeler un serveur de Folding@home, charger une unité de travail (WU), effectuer les calculs, renvoyer les résultats au serveur, charger une nouvelle unité, et ainsi de suite, aussi longtemps que vous souhaiterez contribuer à ce projet scientifique.

Actuellement (Février 2003) près de 90. 000 ordinateurs calculent pour Folding@home...

Deux questions reviennent souvent :

Folding@Home, un projet scientifique généreux - 2/2

1) Folding@home va-t-il ralentir mon ordinateur quand je veux m'en servir ?

La réponse est NON !

Les systèmes d'exploitation sont capables d'attribuer des niveaux de priorité différents selon les applications.

Le client Folding@home est programmé pour adopter le niveau de plus basse priorité.

En clair, dès que votre utilisation de l'ordinateur requiert de la puissance, le client Folding@home la libère, au fur et à mesure et la reprend dès que vous n'en avez plus besoin.

2) Qui va profiter des résultats de ce projet ?

En contrepartie du bénévolat des participants au projet, l'Université de Stanford s'est engagée sur 2 points essentiels :

- aucun brevet ne sera déposé sur les résultats obtenus par le projet
- tous les résultats sont disponibles gratuitement pour les chercheurs du monde entier

Des résultats du Pande Group ont déjà été publiés dans la revue scientifique Nature, repris dans la presse américaine dont quelques traductions ont été réalisées par des membres de l'Alliance Francophone dans ce dossier de presse <http://www.alliancefrancophone.org/dossiers.html>

L'article paru dans Nature fait état, en particulier, de la conformité des résultats obtenus par la simulation avec ceux obtenus par l'expérimentation directe en laboratoire par des équipes indépendantes du Pande Group, ce qui valide définitivement la méthode employée par le projet Folding@home.

Pour en savoir davantage sur le projet, l'installation du programme, poser toutes les questions qui vous passent par la tête sur ce sujet, vous pouvez vous rendre sur le site de l'Alliance Francophone <http://www.alliancefrancophone.org/> (qui rassemble plus de 2700 participants francophones dont pres de 1250 actifs) et l'explorer en détail.

Puis, si vous avez encore des questions ou des difficultés, envie de vous informer sur l'actualité du projet, ou tout simplement de papoter, nous avons un Forum très vivant où nous vous accueillerons avec plaisir et humour.

Alors n'hésitez plus <http://www.alliancefrancophone.org/>