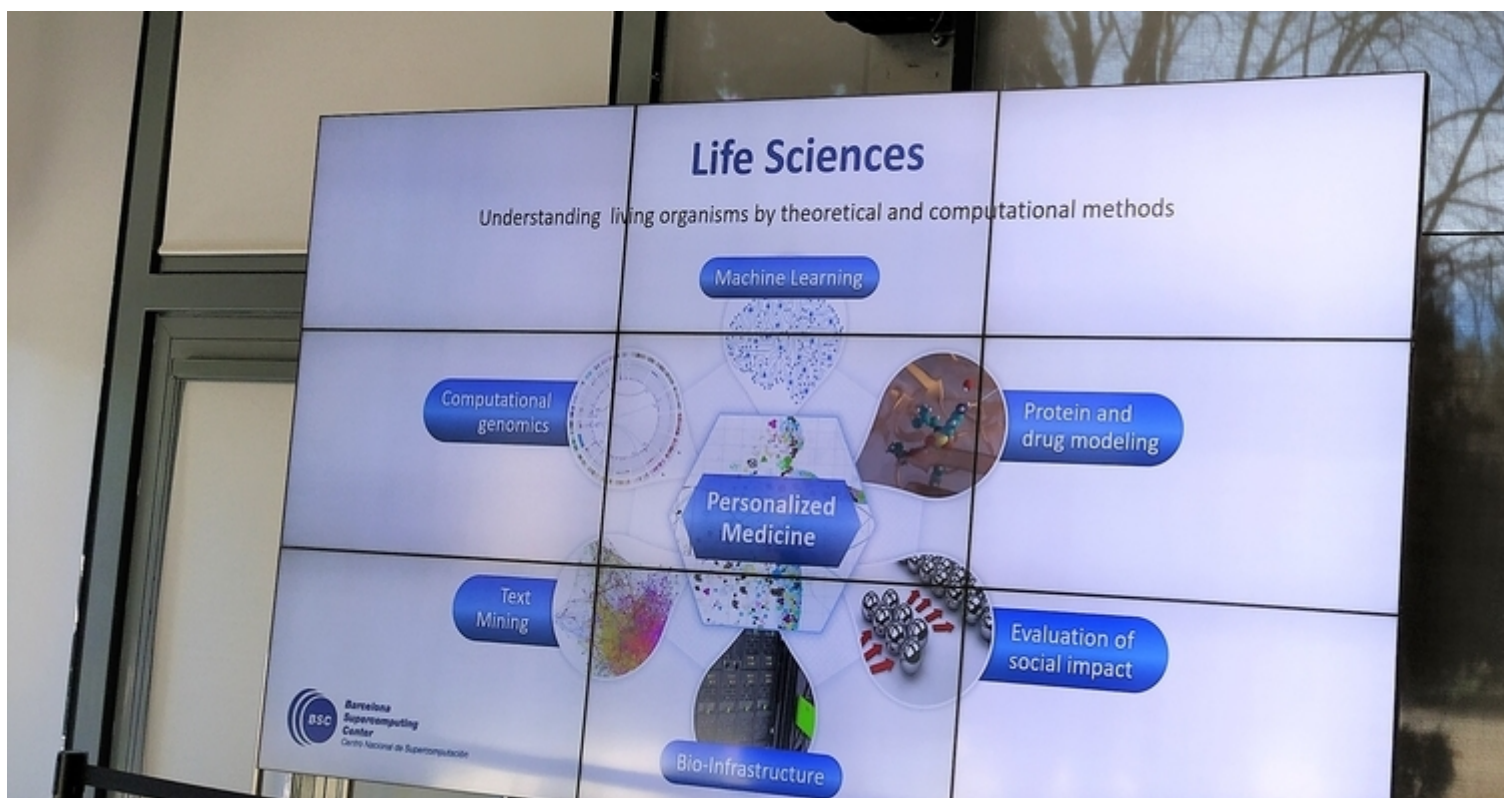


Inicio > ¿Deepmind acaba de demostrar que la IA tiene un valor incalculable para entender el funcionamiento de la vida?

¿Deepmind acaba de demostrar que la IA tiene un valor incalculable para entender el funcionamiento de la vida?

Alfonso Valencia forma parte del jurado que ha verificado los asombrosos resultados de DeepMind, compañía hermana de Google, a la hora de predecir la estructura de las proteínas, uno de los problemas más complejos de la biología actual.



“Deepmind acaba de demostrar que la Inteligencia Artificial tiene un valor incalculable para entender el funcionamiento de la vida y tendrá un papel clave en la lucha contra las enfermedades y otros grandes retos de la humanidad”, afirma Alfonso Valencia, profesor Icrea y director del Departamento de Ciencias de la Vida del Barcelona Supercomputing Center - Centro Nacional de Supercomputación (BSC).

Valencia, con una larga carrera en bioinformática y con artículos muy relevantes sobre cómo estudiar la estructura de las proteínas, forma parte del jurado de CASP-14, una competición internacional de larga tradición ante la que DeepMind ha mostrado los resultados de su programa AlphaFold, dedicado a la predicción de las estructuras de las proteínas.

Predecir las estructuras de las proteínas a partir de su secuencia de ADN es un problema extremadamente complejo y resolverlo es científicamente muy relevante, ya que de estas estructuras dependen la mayoría de los procesos biológicos y conocerlas es enormemente útil, por ejemplo, para comprender enfermedades y poder combatirlas.

“El jurado se ha mostrado completamente asombrado por los resultados de DeepMind. Su programa resuelve uno de los retos de la biología de los últimos 50 años. Es equiparable a conocer un segundo código genético”, afirma el director de Ciencias de la Vida del BSC.

DeepMind, que se hizo popular por sus programas de IA capaces de ganar a los campeones mundiales de ajedrez o go, ha demostrado ser capaz de resolver estos problemas con un programa basado en Machine Learning y Deep Learning.

“La inteligencia artificial permite a la biología (como a la mayoría de ramas de la ciencia en estos momentos) dar un salto de magnitud a base de correlacionar grandes cantidades de datos”, explica Valencia.

Sin embargo, aunque el potencial del uso de la IA para la investigación científica, es enorme y apreciado por la comunidad, los resultados obtenidos a través de estas tecnologías no son resultados avalados por el método científico. “Nos permiten obtener resultados, pero no explican los procesos por los que se han producido”, afirma Valencia. “Entender cómo el ADN de una proteína tiene como resultado una determinada estructura, es una pregunta que todavía no podemos responder”, afirma.

Alfonso Valencia es autor de uno de los artículos más citados entre los estudiosos de la estructura de las proteínas [1], en el que se comienza a dibujar el método por el cual se puede descifrar la relación entre las secuencias de aminoácidos de una proteína y su estructura y funciones.

Valencia forma parte del jurado de CASP *Critical Assessment of Techniques for Protein Structure Prediction*, una competición internacional entre grupos de investigación para evaluar métodos de predicción de estructura de proteínas que se lleva a cabo cada dos años con el objetivo de avanzar en este campo de la biología. Este año, junto a Alfonso Valencia, han participado en el jurado de CASP las investigadoras del BSC Alba Lepore, Camila Pontes, Victoria Isabel Ruiz y 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 18 Abr 2024 - 06:54): <https://www.bsc.es/es/noticias/noticias-del-bsc/%E2%80%9Cdeepmind-acaba-de-demostrar-que-la-ia-tiene-un-valor-incalculable-para-entender-el-funcionamiento>