

Komputerowi gracze rozwiązują trudne problemy w badaniach nad AIDS

Autor tekstu: **Ed Yong**

Tłumaczenie: **Justyna Trawińska**

Podczas gdy naukowcy borykają się z problemem od ponad dziesięciu lat, kilku z nich pomyślało: „Wiemy co trzeba zrobić! Poprosimy o pomoc graczy komputerowych.” To właśnie zrobił [Firas Khatib](http://depts.washington.edu/bakerpg/members.html) (http://depts.washington.edu/bakerpg/members.html) z uniwersytetu waszyngtońskiego. Wynik: on i jego legion grających współautorów przełamali długotrwały problem w badaniach na temat AIDS, nad którym naukowcy zastanawiali się od lat. Im zajęło to trzy tygodnie.

Ochotnicy Khatib'a grali w Foldit — program, który stawiał szatańskie wyzwania naukowe tak jak konkurencyjne wieloosobowe gry komputerowe. Sięga on do umiejętności zbiorowego rozwiązywania problemów dziesiątków tysięcy ludzi, z których większość ma niewielkie lub żadne zaplecze naukowe. Oto, co napisałem o Foldit w ubiegłym roku:

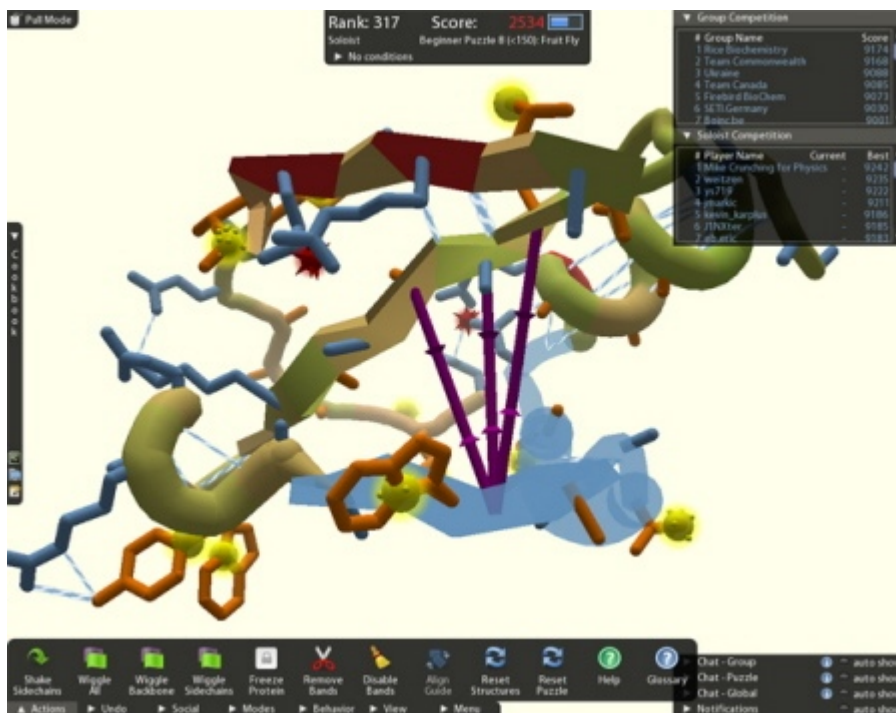
Celem gry jest wypracowanie trójwymiarowej struktury białek. Białka są fantastycznymi biologicznymi origami; składają się one z długich łańcuchów aminokwasów, które załamują się tworząc bardzo specyficzne i skomplikowane kształty. Kształty te mogą ujawniać, w jaki sposób działają białka, ale rozwiązanie ich jest bardzo trudne. Aby zrobić to, naukowcy muszą rozwinąć kryształ oczyszczonego białka zanim poddadzą go działaniu promieniowania rentgenowskiego.

Foldit podchodzi do tego inaczej używając zbiorowych wysiłków okazjonalnych graczy. Jego najlepsi gracze mogą przewyższyć efektywnością oprogramowanie przeznaczone do wykonania tego samego zadania. Najlepsze jest to, że nie potrzebujesz stopnia doktora by grać w Foldit. Zaledwie ośmiu graczy pracuje w nauce, dwie trzecie czołowych strzelców nie ma doświadczenia w biochemii poza wiedzą z liceum. Sterownie jest intuicyjne; poziom samouczka wprowadza do mechaniki gry; kolorowe wizualizacje dostarczają wskazówek; również połączenia są wyjaśnione prostym językiem. Podczas gdy naukowcy od białek troszczą się o „rotacje alfa helisy” i „mocowanie stopni swobody”, gracze Foldit po prostu „podrasowują”, „zamrażają w bezruchu”, „przechylają” i „potrzęsają” ich kształtami znajdującymi się na ekranie.

Sukces Foldit opiera się na fakcie, że nie flirtuje płytko z interaktywnością — jest prawdziwą grą. Jego twórca Seth Cooper zaprojektował to, by „przyciągnąć jak najszerszą publiczność... i zachęcić do długotrwałego zaangażowania”. Jest on konkurencyjny: gracze są punktowani na podstawie stabilności struktur, które tworzą, a tablica z liderami pokazuje ranking w stosunku do innych graczy. Istnieje również społeczna strona: gracze mogą rozmawiać na forach internetowych, pracować w grupach, by rozwiązać zagadkę i udostępniać rozwiązania na Wiki. I tak jak w wielu innych grach komputerowych opinie graczy wpływały na rozwój oprogramowania gry. Narzędzia zostały dodane i instrukcje odpowiednio poprawione tak, by powstrzymać sfrustrowanych początkujących przed wycofaniem się, i żeby problemy były dopasowane do poziomu umiejętności graczy.

Jest dreszczyk emocji, że przyczyniasz się do prawdziwych badań naukowych, ale to motywuje mniej więcej połowę graczy. Reszta robi to dla samego sukcesu, aspektów społecznych i dlatego, że gra jest zabawna i wciągająca.

Początki Foldit tkwią w programie [@Rosetta](http://en.wikipedia.org/wiki/Rosetta) (http://en.wikipedia.org/wiki/Rosetta@home), oprogramowaniu przeznaczonym do rozwiązywania struktur białkowych poprzez symulacje i testowanie tysięcy różnych zagięć. Rosetta jest przykładem „rozproszonego obliczania” (http://en.wikipedia.org/wiki/Distributed%20computing), gdzie ochotnicy uruchamiają program na swoich domowych komputerach. Efektywnie ofiarowują swoją informatyczną moc by przyspieszyć pracochłonne rozwiązywanie struktur białkowych. Ale ochotnicy chcą używać swoich biologicznych komputerów — swoich mózgów - jak i również tych stworzonych przez człowieka. Zasugerowali oni interaktywną wersję programu i w maju 2008 roku zrealizowali swoje plany poprzez Foldit.



W ubiegłym roku Cooper udowodnił, że gracze Foldit byli lepsi w rozwiązywaniu wielu struktur białkowych od programu Rosetta. Używali szerokiego zakresu strategii, potrafili wybrać najlepsze miejsce by zacząć próby i byli lepsi w długoterminowym planowaniu. Ludzka intuicja dysponuje umiejętnością mechanicznego rozwiązywania zadań matematycznych.

W tym roku Khatib chciał zobaczyć, czy społeczność Foldit, mogłaby rozwiązać nowsze problemy. Zapisał graczy na odbywający się dwa razy do roku konkurs nazwany [CASP](http://predictioncenter.org/casp9/) (Critical Assessment of Techniques for Protein Structure Prediction, w wolnym tłumaczeniu: Krytyczne Oceny Technik Przewidywania Struktur Białek), gdzie biolodzy strukturalni z całego świata konkurowali w przewidywaniu struktur białkowych, które zostały *prawie* rozwiązane. Na początek dostawali najlepsze prognozy z programu Rosetta. Potem byli zdani sami na siebie.

Gracze Khatib'a, mający nazwy takie jak *Foldit Contenders Group* oraz *Foldit Void Crushers Group*, mieli różnego rodzaju sukcesy w konkursie. W wielu kategoriach poszło im w miarę dobrze, lecz nie mogli prześcignąć najlepszych grup. Nie byli tak dobrzy w używaniu struktur podobnych białek by podrasować je do tych, nad którymi pracowali. Czasami brnęli w ślepy zaułek, jeśli zaczęli w złym miejscu. Pod jednym względem jednak ich strategia, usprawniania struktur wyjściowych do najdoskonalszych jak tylko to możliwe, doprowadziła do jednego z „najbardziej spektakularnych sukcesów” tego konkursu. W większości jednak za bardzo skupiali się na podrasowywaniu niedoskonałych jeszcze rozwiązań, podczas gdy inne drużyny osiągnęły lepsze rezultaty poprzez wprowadzanie zmian na większą skalę.

Wyciągając wnioski z tej lekcji Khatib zrobił eksperyment. Poruszył on losowo wyjściowe struktury białek, by stworzyć szeroką gamę złych odpowiedzi, które mogły z kolei być udoskonalane przez graczy. Podczas swoich zmagania zaproponowali najlepsze możliwe odpowiedzi dla większości najtrudniejszych wyzwań w konkursie.

To był sukces, a więcej sukcesów rysuje się na horyzoncie. Po zawodach gracze rozwiązali jeszcze ważniejszy problem. Odkryli strukturę białka należącego do małpiego wirusa Mason-Pfizer (M-PMV), blisko spokrewnioną z wirusem HIV, który powoduje u małp AIDS.

Wirusy te tworzą wiele swoich białek w jednym bloku. Muszą być pocięte na fragmenty, a używają do tego enzymatycznych nożyczek — proteazy. Wielu naukowców próbuje znaleźć leki, które wyłączą proteazy. Jeśli one nie działają, to wirus jest ujarzmiony — jest jak mechanik, który nie może wyjąć żadnego ze swoich narzędzi ze skrzynki.

By wyłączyć proteazę wirusa M-PMV, musimy wiedzieć jak dokładnie wygląda. Tak jak prawdziwe nożyczki, proteazy składają się z dwóch połówki, które muszą zamykać się by wykonały swoją pracę. Gdybyśmy wiedzieli gdzie połówki łączą się ze sobą, moglibyśmy stworzyć leki przeciwdziałające ich łączeniu się. Do tej chwili, naukowcy byli tylko w stanie rozpoznać dwie połówki razem. Spędzili bezowocnie ponad dziesięć lat próbując odkryć strukturę pojedynczo wyizolowanej

połówki.

Gracze Foldit nie mieli takich problemów. Zaproponowali wiele odpowiedzi, każda z nich była bliska perfekcji. W kilka dni Khatib udoskonalił ich rozwiązania, by ustalić ostateczną strukturę białka, i już zauważył cechy, które mogą być przydatne dla nowych leków.

„To jest pierwszy przypadek, kiedy widzimy jak internetowi gracze rozwiązują problemy, które przez długi czas stanowiły zagadkę dla nauki — pisze Khatib — Wyniki te pokazują potencjał jaki mają gry komputerowe w prawdziwych naukowych poszukiwaniach; pomysłowość graczy jest ogromną siłą, która dobrze ukierunkowana może posłużyć do rozwiązania dużego zakresu problemów naukowych.”

Uzupełnienie: Stephen Curry, który pracuje nad strukturami białek, w recenzji tej publikacji napisał: „Zasługą, którą należy podkreślić, jest z pewnością innowacyjne podejście do problemu określenia krystalicznych struktur białek. Poza tym podoba mi się idea 'obywatela nauki'. Pytanie w jakim stopniu gracze rozumieją naukę, ale zaangażowanie w tego rodzaju badaniach, nawet jeśli jest tylko na poziomie komputerowej gry, jest niewątpliwie dobrą rzeczą.”

Curry podkreśla, że struktura dla tego białka, ustalona przy użyciu innej metody zwanej magnetycznym rezonansem jądrowym, była już opublikowana w 2003, . Khatib odpowiada, że nie jest to „dokładnie tak”, i że gracze usiłowali wykorzystać wcześniejsze rezultaty dla dalszego postępu. Curry utrzymuje, iż nie ma tu szczegółowego opisu różnic między wcześniejszymi strukturami i tymi nowymi.

Ponadto, Khatib nie precyzuje jak blisko spokrewniona jest proteaza M-PMV z proteazą HIV. " Ta informacja ma zasadnicze znaczenie dla podjęcia decyzji, czy struktura proteazy M-PMV będzie w jakikolwiek sposób wykorzystana, jako szablon w projektowaniu nowej klasy leków skierowanych przeciwko proteazie HIV. Jeśli artykuł ten będzie recenzowany, proszę o uwzględnienie tych informacji, ponieważ są niezbędne do tego, by obserwowane różnice w strukturze miały sens, " pisze Khatib.

[Tekst oryginału](http://blogs.discovermagazine.com/notrocketscience/2011/09/18/computer-gamers-solve-problem-in-aids-research-that-puzzled-scientists-for-years/) (<http://blogs.discovermagazine.com/notrocketscience/2011/09/18/computer-gamers-solve-problem-in-aids-research-that-puzzled-scientists-for-years/>).

Not Exactly Rocket Science/Discover, 18 września 2011r.

Zobacz także te strony:

[Foldit - zbiera wiedzę graczy komputerowych, aby rozwiązać ważne problemy](#)

Ed Yong

Mieszka w Londynie i pracuje w Cancer Research UK. Jego blog „Not Exactly Rocket Science” jest próbą zainteresowania nauką szerszej rzeszy czytelników poprzez unikanie żargonu i przystępną prezentację.

[Strona www autora](#)

[Pokaż inne teksty autora](#)



(Publikacja: 21-11-2011)

[Oryginał..](http://www.racjonalista.pl/kk.php/s,7552) (<http://www.racjonalista.pl/kk.php/s,7552>)

Contents Copyright © 2000-2011 Mariusz Agnosiewicz

Programming Copyright © 2001-2011 Michał Przech

Właścicielem portalu Racjonalista.pl jest Fundacja Wolnej Myśli.

Autorem portalu jest Michał Przech, zwany niżej Autorem.

Żadna część niniejszych opracowań nie może być wykorzystywana w celach komercyjnych, bez uprzedniej pisemnej zgody Właściciela, który zastrzega sobie niniejszym wszelkie prawa, przewidziane w przepisach szczególnych, oraz zgodnie z prawem cywilnym i handlowym, w szczególności z tytułu praw autorskich, wynalazczych, znaków towarowych do tego portalu i jakiegokolwiek jego części.

Wszystkie elementy tego portalu, wliczając w to strukturę katalogów, skrypty oraz inne programy komputerowe są administrowane przez Autora. Stanowią one wyłączną własność Właściciela. Właściciel zastrzega sobie prawo do okresowych modyfikacji zawartości tego portalu oraz opisu niniejszych Praw Autorskich bez uprzedniego powiadomienia. Jeżeli nie akceptujesz tej polityki możesz nie odwiedzać tego portalu i nie korzystać z jego zasobów.

Informacje zawarte na tym portalu przeznaczone są do użytku prywatnego osób odwiedzających te strony. Można je pobierać, drukować i przeglądać jedynie w celach informacyjnych, bez czerpania z tego tytułu korzyści finansowych lub pobierania wynagrodzenia w dowolnej formie. Modyfikacja zawartości stron oraz skryptów jest zabroniona. Niniejszym udziela się zgody na swobodne kopiowanie dokumentów portalu Racjonalista.pl tak w formie elektronicznej, jak i drukowanej, w celach innych niż handlowe, z zachowaniem tej informacji.

Plik PDF, który czytasz, może być rozpowszechniany jedynie w formie oryginalnej, w jakiej występuje na portalu. **Plik ten nie może być traktowany jako oficjalna lub oryginalna wersja tekstu, jaki prezentuje.**

Treść tego zapisu stosuje się do wersji zarówno polsko jak i angielskojęzycznych portalu pod domenami Racjonalista.pl, TheRationalist.eu.org oraz Neutrum.eu.org.

Wszelkie pytania prosimy kierować do redakcja@racjonalista.pl