

## عنوان مقاله:

بررسی تحلیل ساختار AlphaFold پروتئوم در سیستم هوش مصنوعی

## محل انتشار:

چهارمین همایش بین المللی زیست شناسی و علوم زمین (سال: 1400)

تعداد صفحات اصل مقاله: 10

## نویسندگان:

مژگان هاشمی - دانشجوی دکتری مدیریت تکنولوژی دانشگاه آزاد اسلامی تهران مرکز

بیات ترک - استاد دکتری مدیریت تکنولوژی دانشگاه آزاد اسلامی تهران مرکز گروه مدیریت تکنولوژی دی ماه ۱۴۰۰

## خلاصه مقاله:

در سال ۲۰۱۵ موسسه بیوانفورماتیک اروپا (EMBL-EBI) و شرکت انگلیسی هوش مصنوعی DeepMind برای یک دوره ۲ ساله با یکدیگر شروع به همکاری نمودند. هدف اصلی این همکاری ایجاد پایگاه داده بنام AlphaFold DataBase بود تا صدها هزار و بلکه میلیون ها پیش بینی از ساختار پروتئین را به صورت رایگان در دسترس جامعه علمی قرار دهند. و AlphaFold یک برنامه هوش مصنوعی است که توسط شرکت DeepMind توسعه یافته است که می تواند ساختار سه بعدی پروتئین را از طریق توالی اسید آمینه های آن پیش بینی کند. انتشار اولیه این منبع، پیش بینی های ساختاری را برای اکثر پروتئین های پروتئوم انسانی و همچنین برای پروتئوم های ۲۰ گونه دیگر مهم در علم بیولوژیکی یا پزشکی ارائه می کند. دمیس حسابیس، بینانگذار و مدیر عامل DeepMind می گوید: ما معتقدیم که این کار نشان دهنده مهم ترین سهمی است که هوش مصنوعی در پیشرفت وضعیت دانش علمی تا به امروز انجام داده است و نمونه ای عالی از نوع مزایای است که هوش مصنوعی می تواند برای جامعه به ارمغان بیاورد. این پیشرفت نشاندهنده گامی بزرگ در زیست شناسی مولکولی است بطوری که به راحتی می توان برای اکثر پروتئین ها با توالی شناخته شده یک مدل سه بعدی با کیفیت بالا طراحی کرد. در این بررسی برخی از برنامه هایی که ممکن است توسط AlphaFold DB فعال شود، مورد بحث قرار می دهیم و تاثیر احتمالی این پایگاه داده بر علم در نتیجه بر جامعه مورد بررسی قرار می گیرد.

## کلمات کلیدی:

و DeepMind، AlphaFold DataBase، ساختار سه بعدی پروتئین، هوش مصنوعی

## لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1435512>

