

Les buts du jeu *Foldit*

Le présent document donne la traduction en français de la suite du début de la FAQ du site du jeu *Foldit*,
<http://fold.it/portal/info/faq>

La colonne de gauche contient le texte original en anglais (pour référence), la traduction en français étant dans celle de droite. Les liens hypertextes ont été reconduits.

Goals of the Intro Puzzles

The Intro Puzzles are meant to familiarize new players with the basic concepts and tools they'll need to start folding proteins in Foldit's Science Puzzles.

Goals of the Science Puzzles

The current series of Science Puzzles, the Grand Challenges, are meant to generate the evidence needed to prove that human protein folders can be more effective than computers at certain aspects of protein structure prediction. That's what all the puzzles in Foldit are about right now: predicting the structure of a protein based on its amino acid sequence. The three rules mentioned above describe the characteristics of correct protein structures.

Goals of Foldit

For protein structure prediction, the eventual goal is to have human folders work on proteins that do not have a known structure. This would require first attracting the attention of scientists and biotech companies and convincing them that the process is effective. Another goal is to take folding strategies that human players have come up with while playing the game, and automate these strategies to make protein-prediction software more effective. These two goals are more or less independent and either or both may happen.

The more interesting goal for Foldit, perhaps, is not in protein prediction but protein design. Designing new proteins may be more directly practical than protein prediction, as the problem you must solve as a protein designer is basically an engineering problem (protein engineering), whether you are trying to disable a virus or scrub carbon dioxide from the atmosphere. It's also a relatively new field compared to protein prediction. There aren't a lot of automated approaches to protein design, so Foldit's human folders will have less competition from the machines.

You can learn more about the science of Foldit here: [The Science Behind Foldit](#)

Buts des puzzles introductifs (Tutoriels)

Les puzzles introductifs servent à familiariser les nouveaux joueurs avec les concepts de base et avec les outils dont ils auront besoin pour commencer à replier des protéines dans les puzzles scientifiques de *Foldit*.

Buts des puzzles scientifiques

La présente série des puzzles scientifiques, le *Grand Challenge*, ont pour intention de faire émerger le besoin de mettre en évidence que le pliage de protéine par des humains peut être plus efficace qu'avec des ordinateurs pour certains aspects en prédiction de structure de protéine. C'est ce que sont tous les puzzles dans *Foldit* pour le moment : la prédiction de la structure d'une protéine en fonction de sa séquence d'acides aminés. Les trois règles mentionnées ci-dessus [*NdT* : voir le document *Règles de base de Foldit*] décrivent les caractéristiques des structures correctes de protéine.

Buts de Foldit

Pour la prédiction de la structure des protéines, le but ultime est d'avoir des pliages faits par l'homme sur des protéines qui n'ont pas une structure connue. Il faudrait pour cela attirer d'abord l'attention des scientifiques et des sociétés de biotechnologie et les convaincre que le processus est efficace. Un autre objectif est de prendre des stratégies pliage que les joueurs humains ont mis au point tout en jouant le jeu, et d'automatiser ces stratégies pour rendre les logiciels de prévision de protéines plus efficace. Ces deux objectifs sont plus ou moins indépendants, et l'un ou les deux peuvent se produire.

L'objectif plus intéressant pour *Foldit*, peut-être, n'est pas dans la prédiction de protéines, mais la conception des protéines. Concevoir de nouvelles protéines peut être plus directement utile que la prédiction de la protéine, comme le problème que vous devez résoudre en tant que concepteur de protéine est essentiellement un problème d'ingénierie (ingénierie des protéines), si vous essayez de désactiver un virus ou un gommage du dioxyde de carbone de l'atmosphère. C'est aussi un domaine relativement nouveau par rapport à la prévision de protéine. Il n'y a pas beaucoup d'approches automatisées à la conception des protéines, donc le pliage de protéines avec *Foldit* est moins en concurrence avec les machines.

On peut en savoir plus à propos de la science avec *Foldit* par ici : [The Science Behind Foldit](#)
<http://fold.it/portal/info/about> [voir la traduction dans le document *Derrière Foldit, la science !*]