

LOGIQUE & CALCUL

L'homme, meilleur joueur que la machine

Grâce à de nouvelles méthodes de coordination, l'intelligence humaine produit parfois des résultats supérieurs à ceux des programmes informatiques.

Jean-Paul DELAHAYE

En mai 1997, le lendemain de la victoire de l'ordinateur *Deep Blue* sur Gary Kasparov, le quotidien français *Libération* titrait « L'homme est-il foutu ? » Aux échecs, l'ordinateur bat aujourd'hui le meilleur humain et cela semble irréversible. Cette supériorité de la machine concerne de nombreux autres jeux dits de stratégie. En fait partie le jeu de dames anglaises, pour lesquelles l'ordinateur sait calculer des stratégies optimales, c'est-à-dire définitivement imbattables, ce qu'il ne sait pas faire dans le cas des échecs où les programmes jouent bien, mais d'une façon perfectible (voir l'article de cette rubrique de janvier 2008).

Cependant, le champion humain reste meilleur que la machine au jeu de go. Le niveau « sixième dan » atteint en 2012 par le programme *Zen19D* a inquiété des professionnels, mais il ne fait pas de l'ordinateur un égal de l'homme à ce jeu.

Moins attendu, l'ordinateur *Watson* d'IBM a battu l'être humain en 2011 au jeu *Jeopardy* (du type *Questions pour un champion*), dont on pensait que la nature non combinatoire et fondée sur des énigmes linguistiques exigeait des connaissances générales et une intelligence hors de portée des machines. L'ordinateur a montré que l'intelligence artificielle progresse même là où certains pensaient qu'elle resterait bloquée. Bien sûr, la base de données de 15 téraoctets de *Watson*, qui lui donne accès instantanément à une quantité colossale d'informations, a contribué au

succès de l'ordinateur et s'il a gagné, c'est en utilisant des algorithmes de traitement du langage naturel très différents des procédures du cerveau humain. Comme aux échecs, la machine gagne, mais elle n'imité pas.

L'ordinateur progresse aussi dans la résolution d'autres tâches où sa logique binaire semblait le handicaper. Il y a la résolution automatique des mots-croisés, où le programme *Dr Fill* approche les meilleurs joueurs humains. Pour la conduite automobile, les progrès sont tels que dans certains États américains, des autorisations ont été accordées pour que des systèmes automatisés de conduite circulent sur les routes au milieu des autres véhicules... à la condition qu'ils soient surveillés par un humain pouvant reprendre le contrôle à tout instant.

Or de nouvelles méthodes d'utilisation et de coordination de l'intelligence humaine produisent des résultats étonnants, et même des renversements inespérés ! Plusieurs problèmes dont la nature combinatoire semblait déterminer une implacable victoire de la machine sur l'humain voient celui-ci produire de meilleures solutions que les algorithmes les plus perfectionnés fonctionnant sur les plus puissants des systèmes.

À la condition de transcrire les problèmes sous de bons formats (ce que l'on fait avec l'ordinateur), les cerveaux humains sont dans ces cas de meilleurs calculateurs que les ordinateurs. L'indispensable présentation sous la forme de jeu, et les interfaces informatiques graphiques complexes pour

que l'intelligence ludique des humains produise ces prouesses, suggèrent que c'est l'association ordinateur-humain qui résout les problèmes posés. Une telle analyse serait injuste, car l'ordinateur n'est qu'un serviteur qui présente les données, exécute les commandes de manipulation formulées par le joueur humain, et évalue s'il progresse vers la solution ou l'atteint : toutes les décisions sont prises par le joueur.

Plier des protéines

La connaissance de la suite linéaire des nucléotides d'une séquence génétique codant une protéine, une suite de lettres prises parmi A, C, T et G, détermine la séquence des acides aminés qui composent la protéine et son repliement en trois dimensions. Cette forme dans l'espace détermine les parties actives de la molécule et comment la protéine interagit avec les autres molécules. Connaître ce repliement est donc essentiel au biologiste. En première approximation, c'est un problème de minimisation d'énergie, mais les degrés de liberté sont si nombreux (plusieurs dizaines, parfois beaucoup plus) que la détermination du bon repliement est extrêmement difficile ; les programmes informatiques spécialisés n'y réussissent aujourd'hui qu'assez médiocrement.

Un programme interactif en ligne dénommé *Foldit* (« Replie-le ») a été développé conjointement par le *Center for Game Science* de l'Université de Washington et le

Département de biochimie de la même université. Ce programme, que l'on télécharge facilement (<http://fold.it/portal/>), propose des énigmes de repliement. Une molécule dessinée en trois dimensions est affichée à l'écran, et le joueur peut alors la faire tourner, en examiner les parties de près et en manipuler les diverses composantes. Il est donc en mesure de la replier en essayant de faire au mieux. Le joueur est guidé par des informations diverses, dont bien sûr le niveau d'énergie qu'il doit minimiser. Il peut revenir en arrière, agiter aléatoirement la molécule, en figer certaines parties, etc. Il n'est pas nécessaire de connaître la biochimie pour tenter sa chance, car ce qui est

important sera appris par des exercices d'introduction et de découverte. Le but d'un joueur est d'améliorer l'énergie du meilleur repliement connu.

Le programme *Foldit*, qui fonctionne depuis 2008, a aujourd'hui été utilisé par 240 000 joueurs enregistrés. Les meilleures structures produites par les joueurs sont mémorisées, examinées et testées par les experts du domaine. Pour obtenir de bons résultats, les joueurs sont incités à se grouper en équipes. Des tableaux de meilleurs scores sont maintenus à jour, et diverses formes de compétitions entre joueurs et équipes accroissent les motivations des participants.

En 2011, une équipe de joueurs dénommée *Contenders* a donné la forme exacte de la protéase d'un rétrovirus responsable d'une des formes du sida chez le macaque rhésus. Il s'agissait d'un problème non résolu depuis une quinzaine d'années. La solution de l'équipe *Contenders* a été publiée dans la revue *Nature Structural and Molecular Biology*. Le nom de l'équipe apparaît comme auteur de la publication parmi les autres chercheurs ayant travaillé sur le projet *Foldit*. Le repliement découvert aidera peut-être à la mise au point de nouveaux antiviraux s'appliquant au sida humain.

Le jeu a aussi été utilisé pour modifier des protéines et améliorer leur efficacité

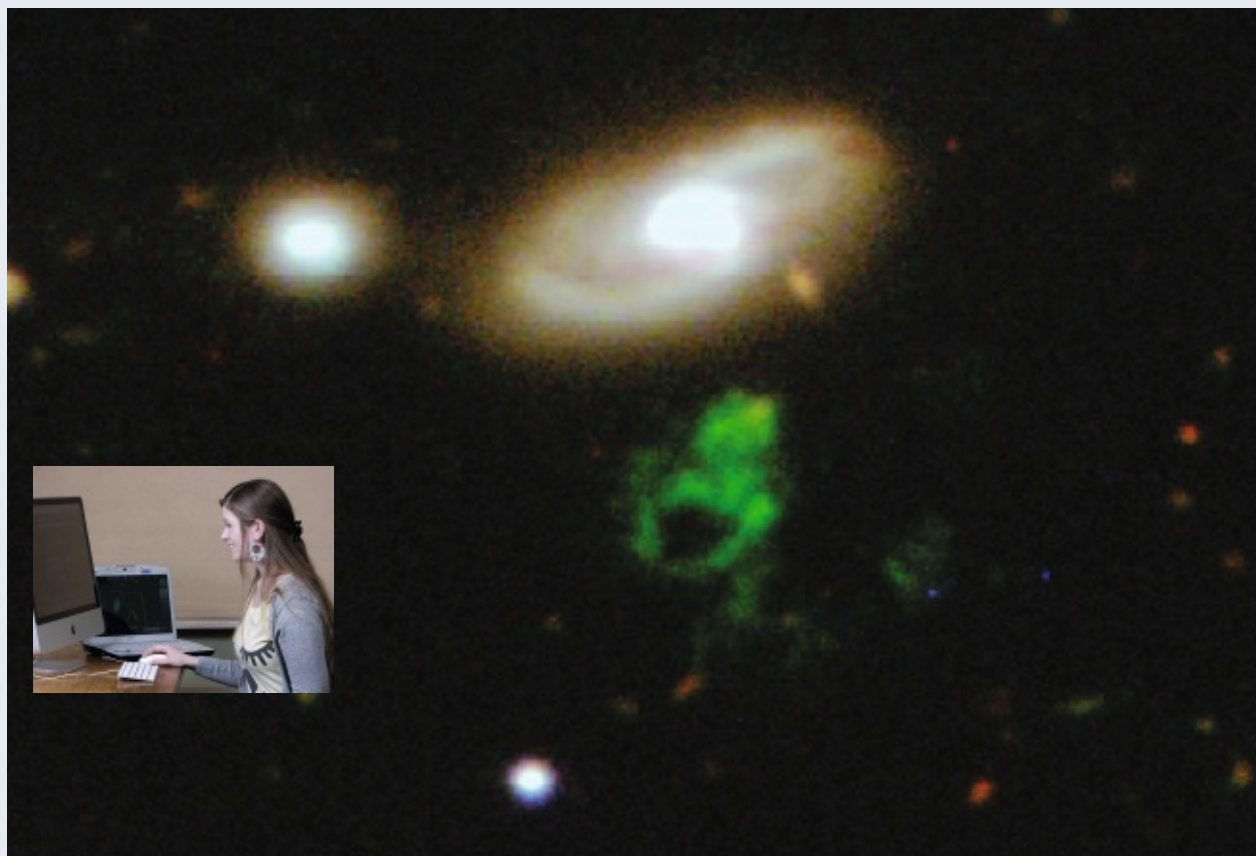
1. La grenouille de *Galaxy Zoo*

Les données recueillies par le télescope spatial *Hubble* sont trop nombreuses pour être traitées par les astronomes et trop complexes pour que la classification des galaxies soit

faite par un algorithme. Seul le recours à l'intelligence des bénévoles permet de mener le travail de classification nécessaire et rend disponibles aux chercheurs des données

scientifiques importantes (projet *Galaxy Zoo*). Durant ce travail de fouille des données portant sur des millions de galaxies, un étrange objet a été repéré par une internaute néerlandaise

prénommée Hanny (à gauche). L'objet, ici représenté en fausse couleur verte, a été nommé *Hanny's Voorwerp*. Il suscite conjectures et spéculations chez les astronomes.



Nasa et Université d'Arizona, *Galaxy Zoo Team*