

Mesdames, Messieurs,

Sans le savoir, vous avez peut-être la possibilité de contribuer à faire progresser la recherche médicale. Pour cela, il suffit d'avoir un ordinateur, une connexion internet et la volonté de participer à un projet ambitieux.



Le projet scientifique **Folding@Home** a été mis en place en octobre 2000 par un laboratoire de l'université de Stanford, aux Etats-Unis. Il vise à mieux comprendre comment les protéines se replient dans leur environnement et quels sont les dysfonctionnements associés à différentes maladies (**Alzheimer, Parkinson, Huntington ou Cancers**). Dans des cas simples, une protéine adopte sa structure à une vitesse de l'ordre de 10 000 nanosecondes (un millième de millième de seconde). Ça n'a l'air de rien mais pour un ordinateur de 400MHz, il faut donc une journée pour simuler une nanoseconde de repliement ! Cela signifie qu'il faut 1000 participants pour réaliser le travail de simulation de repliement d'un seul cas simple de protéine... en 10 jours.



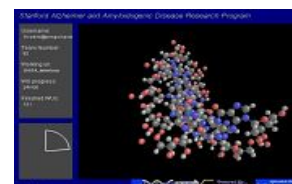
Les chercheurs ont introduit le logiciel **Folding@Home** car avec votre participation dans le décodage du repliement des protéines, la compréhension du fonctionnement de nos protéines sera accélérée.

L'association **Les Fermiers Généreux** a été créée en 2003 avec l'objectif d'informer les possesseurs d'ordinateur à propos de ce projet et de les inciter à agir dans la lutte contre ces maladies, essentiellement neurodégénératives, en utilisant la puissance de calcul de leur matériel informatique.

Voici ce que vous aurez à faire pour rejoindre les Fermiers Généreux (durée : 10 à 15 minutes) :

1. **Inscription succincte en ligne** avec un courriel : cliquez http://www.fermiers-geneux.org/index_insc.php ;
2. **Validation de l'inscription** via le lien contenu dans le mail ;
3. **Téléchargement du programme** : cliquez <http://www.stanford.edu/group/pandegroup/folding/download.html> ;
4. **Installation** et paramétrage : n° d'équipe (**51**) (TEAM NUMBER), pseudo (USER) (de préférence avec préfixe [FG]) ; un doute pour configurer, lisez : <http://www.fermiers-geneux.org/rubrique5.html> ;
5. **Ajout d'un pseudo dans la zone membre** (nos stats) : http://www.fermiers-geneux.org/index_membre.php .
Vous pouvez compléter vos données, adhérer, vous inscrire au forum, fabriquer votre signature, etc.

Une fois téléchargé, un logiciel "**client**" va appeler un serveur de **Folding@home**, charger une unité de travail, effectuer les calculs, renvoyer les résultats au serveur, charger une nouvelle unité, et ainsi de suite, aussi longtemps que vous souhaitez contribuer au projet . Des points sont attribués après chaque calcul renvoyé à Stanford. Ceci peut donner lieu à une compétition amicale entre les plieurs des différentes équipes. Cet aspect ludique permet une émulation.



☺ Veuillez noter que vous n'êtes autorisé à faire tourner Folding@Home que sur des machines qui vous appartiennent ou sur lesquelles vous avez l'autorisation de l'administrateur du parc informatique. Tout autre utilisation de Folding@Home serait contraire à la licence d'agrément de **Folding@Home**.

Questions : <http://www.stanford.edu/group/pandegroup/folding/french/faq.html> ou <http://www.alliancefrancophone.org/faq.php3> .

Parmi celles-ci : **Folding@home va-t-il ralentir mon ordinateur quand je veux m'en servir ?**

NON ! Les systèmes d'exploitation attribuent des niveaux de priorité différents selon les applications. Le client Folding@Home est programmé pour adopter le niveau le plus bas : il libère de la puissance, au fur et à mesure de vos besoins, et la reprend dès que possible. Dossier complet ici : http://www.alliancefrancophone.org/dossiers_tr_impact.html

Qui va profiter des résultats ? En contrepartie du bénévolat des participants, l'Université de Stanford s'est engagée :

Aucun brevet ne sera déposé sur les résultats obtenus par le projet, **tous les résultats sont disponibles gratuitement.**

Folding@Home est organisé par une institution à but non-lucratif (le *Pande Group* de la *Stanford University's Chemistry Department*), ce qui est une garantie que les résultats des calculs seront accessibles aux chercheurs et autres scientifiques du monde entier.

Ce projet a déjà permis de générer des résultats publiés dans de prestigieuses revues scientifiques. Vous pouvez prendre connaissance des articles publiés (en anglais) : <http://folding.stanford.edu/papers.html> .

Plus de 500 000 ordinateurs participent déjà au projet à travers le monde.