

## Editorial



Forscher studieren nicht alle dieselbe Krankheit, denselben Virus oder dasselbe Insekt, aber sie müssen alle die enormen Datenmengen, die sie produzieren, irgendwo speichern und mit dem neuesten Wissen vergleichen können. In anderen Worten, sie müssen auf Datenbanken und Software zugreifen können, die auf dem neuesten Stand der Technik sind. Das SIB Schweizerische Institut für Bioinformatik unterstützt die Wissenschaft in mehrerer Hinsicht. Es entwickelt eine Vielzahl von Ressourcen, wie SWISS-MODEL, welche vor beinahe 20 Jahren begründet und für Forscher weltweit unentbehrlich wurde, UniProtKB/Swiss-Prot, STRING, Melanie oder

auch neXtProt, die neue Plattform für Wissen über menschliche Proteine, die in wenigen Tagen veröffentlicht werden soll. Das SIB stellt seine Fachkenntnis auch für Kooperationen mit dem Ziel, Krankheiten wie Diabetes zu heilen, zur Verfügung. Das SIB war sich stets bewusst, dass Kooperationen entscheidend sind, und man sie deshalb sowohl innerhalb wie auch ausserhalb des SIB fördern muss. Durch die enge Zusammenarbeit verknüpfen SIB Dienstleistungs- und Forschungsgruppen ihre Datenbanken und Software-Plattformen, und schaffen so eine neue Dimension von Ressourcen zur Unterstützung der wissenschaftlichen Forschung.

Um die Zukunft von wissenschaftlicher Forschung und deren Fortschritt zu sichern genügt es aber nicht, nur solche neuen Ressourcen zu erschaffen. Es ist auch nötig, deren Beständigkeit anhand von zwei Hauptkriterien zu garantieren: Qualität und Nachhaltigkeit. Was für eine Unterstützung bietet eine Datenbank, wenn sie vom einen Tag auf den anderen verschwinden würde? Jahrelange Arbeit würde in einem Augenblick vernichtet. Es ist deshalb unerlässlich, eine solide Infrastruktur zur Sicherung der Zukunft von Bioinformatik-Know-how und -Mitteln auf internationaler Ebene auf die Beine zu stellen. Dies ist exakt das Ziel von ELIXIR, einem von der Europäischen Union lancierten Projekts. Das SIB ist stolzes Mitglied dieser europäischen Bemühung und erwartet viel von ihren Resultaten und deren Auswirkung.

Wir hoffen Sie haben Spass bei der Lektüre dieser neuesten Ausgabe von Swiss Bioinformatics, in welcher wir einige weitere Beispiele unserer Aktivitäten auf nationaler und internationaler Ebene vorstellen.

Ron Appel, Direktor

## News in Kürze

### NIH Grant für UniProt

Die National Institutes of Health (NIH, USA) vergeben für drei Jahre Fördermittel an das UniProt Konsortium, das aus dem SIB, dem EBI (European Bioinformatics Institute) und dem PIR (Protein Information Resource) besteht. Dem SIB stehen damit jährlich mehr als 2 Millionen Franken zur Verfügung, um die UniProtKB/Swiss-Prot Wissensdatenbank zu finanzieren und weiter auszubauen. Dieser Zuschuss unterstreicht einmal mehr die Bedeutung und die internationale Präsenz des SIB und seiner Forschungs- und Dienstleistungstätigkeiten.

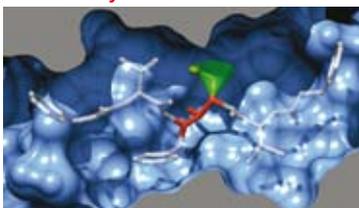
### Nächster Schritt, neXtProt

Die erste öffentliche Version von neXtProt, der neuen Wissens- und Software-Plattform über menschliche Proteine, wird in wenigen Tagen online gehen. Wir erwarten, dass neXtProt eine zentrale und wichtige Ressource für alle Forscher wird, die interessiert an der Funktion von Proteinen in Gesundheit und Krankheit sind. neXtProt wird gemeinsam von der SIB Gruppe CALIPHO und von GeneBio entwickelt, und diese Zusammenarbeit ist entscheidend, da sie sicherstellt, dass die Plattform sowohl den Anforderungen akademischer als auch industrieller Forschung genügt. neXtProt baut auf der hochwertigen Annotationsarbeit von Swiss-Prot auf, und wird auch Synergien mit anderen Ressourcen des SIB fördern. Die erste Version macht schon Gebrauch von Daten und Analysen aus Bgee, einer Datenbank entwickelt von der Evolutionary Bioinformatics Gruppe an der Universität Lausanne und dem SIB.

Diese erste Ausgabe bietet nur einen kurzen Einblick in die vollen Anwendungsmöglichkeiten von Daten und Werkzeugen, die neXtProt seinen Benutzern zur Verfügung stellen will. Es ist aber ein wichtiger erster Schritt, und trägt wesentlich zu einem der zwei Hauptmissionen des SIB bei, nämlich der Forschungsgemeinschaft Ressourcen von hoher Qualität bereitzustellen.

Der neXtProt Server wird von der Vital-IT Gruppe bereitgestellt und ist zu erreichen unter [beta.nextprot.org](http://beta.nextprot.org).

### EADock jetzt online



Nicht richtig funktionierende Proteine sind die Ursache vieler Krankheiten, unter anderem auch Krebs. Deshalb zielt die Funktion vieler Anti-Krebsmittel auf die Regulierung solcher Proteine ab. Diese Mittel bestehen aus kleinen Molekülen, die in das aktive Zen-

trum des Proteins passen und eine bestimmte Aktivität zulassen oder blockieren, ähnlich wie der richtige Schlüssel ein Schloss öffnen oder schliessen kann.

Solche Interaktionen auf atomarem Level und im dreidimensionalen Raum vorzuberechnen ist eines der Haupt-Forschungsthemen der Molecular Modelling Gruppe des SIB schon seit nunmehr seit 10 Jahren. Diese Bemühungen gipfelten nun in einem Computerprogramm namens EADock. EADock erlaubt das erfolgreiche identifizieren vieler Moleküle, die aktiv gegen verschiedenste krebsrelevante Proteine sind.

Das akkumulierte Wissen in dieser Software ist nun der gesamten Forschungsgemeinschaft zugänglich gemacht worden. Das Programm kann nun kostenlos über die [SwissDock](http://SwissDock) Webseite(\*) genutzt werden. Das SIB beabsichtigt damit, diese Methode weiter als nur den Experten auf dem Gebiet zugänglich zu machen, was in den kommenden Jahren zu weiteren bedeutenden Fortschritten in Molekularer Krebsforschung, und allgemein der Medizinischen Forschung, führen soll.

(\*) [www.swissdock.ch](http://www.swissdock.ch)

### Gemeinsame Anstrengungen gegen Diabetes

Um die wachsende Ausbreitung von Diabetes zu bekämpfen, haben sich Wissenschaft, Biotechnologie und die pharmazeutische Industrie im Rahmen von IMIDIA zusammengeschlossen, der Innovative Medicines Initiative for Diabetes. Professor Bernard Thorens der Universität Lausanne leitet dieses Projekt, das am 14. Juni 2010 offiziell lanciert wurde. Die Initiative will Biomarker und Werkzeuge

## Inhaltsverzeichnis

● Editorial	1
● News in Kürze	1
● Forschung	2
● Internationale Zusammenarbeit	2
● Ausbildung und Öffentlichkeitsarbeit	3
● Verbindung zur Industrie	3
● Zum Thema Bioinformatik und SIB	4



für besseres Management der Krankheit entwickeln, und letztendlich eine Heilung für Diabetes verschaffen.

Das SIB wird, zusammen mit mehreren Forschungs- und Dienstleistungsgruppen, an diesem herausfordernden Projekt teilnehmen, und sowohl mit Bioinformatikmitteln als auch mit Rechen- und Datenanalyse-Support beitragen.

## Forschung

### SWISS-MODEL und STRING: Serviceleistungen mit internationaler Reichweite

Wir haben in unserem Körper etwa fünf Millionen Proteine, die aus 20'000 verschiedenen Genen hergestellt werden. Es erstaunt deshalb nicht, dass das Entschlüsseln all ihrer Funktionen und ihrer Interaktionen die Forschung noch auf Jahre beschäftigen wird. Eine der Missionen des SIB ist es, Forscher mit Datenbanken und Software-Lösungen im Bereich der Proteine zu unterstützen. Dabei sind einige der Lösungen des SIB schon zu unersetzlichen Werkzeugen für die Forschung weltweit geworden.

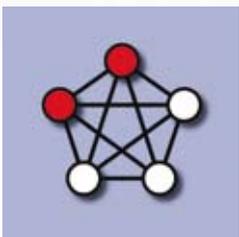


**SWISS-MODEL** ist ein Server, auf dem sich dreidimensionale Strukturen von Proteinen modellieren lassen. Biochemiker und Molekularbiologen auf der ganzen Welt nutzen dieses kostenlose und einfach zu bedienende Werkzeug mehr und mehr. Nutzer müssen nur eine Aminosäuren-Sequenz oder die UniProt Accession-Nummer eines Proteins eingeben, um ein entsprechendes 3D-Modell

zu erstellen. Neben dieser vollautomatisierten Methode für einfache Modelle offeriert SWISS-MODEL auch mehrere weitere Funktionsweisen, welche es fortgeschrittenen Benutzern erlaubt, die Einstellung wichtiger Parameter, wie zu Beispiel die Auswahl der Struktur-Vorlage, selbst vorzunehmen. Das SWISS-MODEL Repository stellt vorkalkulierte Modelle für Proteine menschlicher Herkunft und eine Auswahl von ausgewählten Modell-Organismen zur Verfügung, um den Datenaustausch mit anderen Ressourcen, wie Swiss-Prot und STRING, zu vereinfachen. Strukturmodelle von Proteinen finden vielfältige Anwendungen in der Biomedizinischen Forschung, wie zum Beispiel in der struktur-basierten Entwicklung neuer Arzneimittel, der rationellen Planung von Funktionsstudien, oder dem Protein-Engineering.

Seit seiner Einführung im Jahre 1993 wurde SWISS-MODEL permanent verbessert. Seit 2001 wird der Service von Torsten Schwede's Structural Bioinformatics Gruppe am Biozentrum (Universität Basel) und dem SIB weiterentwickelt. Jedes Jahr greifen mehr als 200'000 Nutzer weltweit auf den Server zu und lassen rund eine halbe Million Proteinstrukturen berechnen.

*SWISS-MODEL ist erreichbar unter [swissmodel.expasy.org](http://swissmodel.expasy.org).*



**STRING** Die Identifizierung und das Struktur-Modelling sind nur die ersten Schritte, um die Funktion eines Proteins zu verstehen. Die Situation in der Zelle ist ungemein komplexer, da die Proteine ein sogenanntes Sozialleben haben, will heissen, sie interagieren miteinander auf unzählige verschiedene Arten. Dies resultiert in funktionellen Assoziationen und stetig komplexeren Verknüpfungen für die funktionelle Annotation.

Eine erhebliche Menge an Informationen ist nötig, um die unterschiedlichen Aspekte einer bestimmten Protein-Protein-Interaktion zu beschreiben. Die eigentlichen Daten und Annotationen sind aber über verschiedene öffentliche Ressourcen verstreut. Es ist deshalb ein grosser Vorteil für einen Nutzer, wenn er auf all diese Daten an einem einzelnen Ort, vereinheitlicht und neu interpretiert, und mit einfachen Such- und Frage-Mechanismen, zugreifen kann. Es ist

das Ziel von STRING (Search Tool for the Retrieval of Interacting Genes), einer Datenbank, die als einzige Anlaufstelle für Daten über die funktionellen Interaktionen zwischen Proteinen dienen will, diesen Service bereitzustellen. Die Stärken von STRING liegen in seinem Umfang, seiner Bewertung der Daten, und seinem interaktiven und intuitiven Interface. STRING ist die einzige Anlaufstelle, die Daten von mehreren hundert (und bald einmal mehr als 1'100) Organismen von Bakterien bis zum Mensch integriert.

STRING begann im Jahre 2000 am EMBL (Europäisches Laboratorium für Molekularbiologie) in Heidelberg und wird nun von einem kleinen Konsortium von Bioinformatik-Gruppen in Europa instand gehalten. Das SIB spielt eine ausschlaggebende Rolle in der Weiterentwicklung dieser Ressource durch den Beitrag von Arbeitskräften aus der Gruppe von Christian von Mering (Universität Zürich und SIB). STRING wird weltweit genutzt, und viele Nutzer laden die Daten herunter um mit ihnen auch offline zu arbeiten, und damit bildet STRING den Grundstein vieler internationaler Forschungsprojekte.

*STRING ist erreichbar unter [string-db.org](http://string-db.org).*

### ERWEITERUNG DER INTEROPERABILITÄT

Mit 29 Forschungs- und Dienstleistungsgruppen in den verschiedenen Schweizer Institutionen und Städten ist das SIB ein Vorzeigemodell für interinstitutionelle und interkantonale Zusammenarbeit. Jetzt arbeiten die SIB Gruppen an einer Verstärkung dieses kollaborativen Aspekts, indem sie vermehrt auch Verknüpfungen zwischen den Dienstleistungen und Ressourcen schaffen, die sie für die internationale Forschung entwickeln und instandhalten. Das heisst konkret, dass sie versuchen, dem Nutzer die Möglichkeit zu geben, auf mehrere Ressourcen gleichzeitig zugreifen zu können, um damit die Benutzerfreundlichkeit und die Effizienz zu steigern. STRING und SWISS-MODEL haben bereits grosse Schritte in diese Richtung unternommen. Nutzer, die eine 3D-Proteinstruktur in SWISS-MODEL angezeigt bekommen, haben nun schon die Möglichkeit, in zusätzlichen Fenstern Informationen aus STRING zu diesem Protein abzurufen, und umgekehrt. Unsere Services erreichen damit eine neue Dimension und bieten einen neuen Level an Effizienz, welcher von der Forschungsgemeinschaft hoch geschätzt wird.

## Internationale Zusammenarbeit

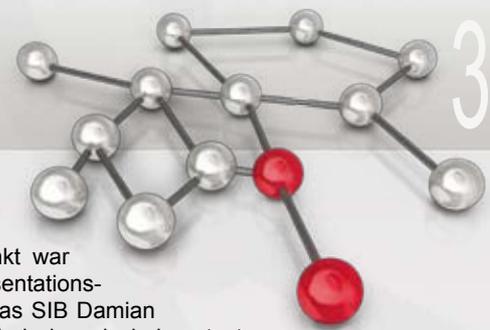
### ELIXIR des Lebens

Wie könnten Wissenschaftler heutzutage arbeiten ohne Zugang zu all den Daten die bis dato gefunden wurden, zusammengefasst in hochwertigen biologischen Wissens-Datenbanken? Wie könnten sie, zum Beispiel, einen Virus identifizieren, wenn die Datenbank, die alle relevanten Informationen wie Gensequenzen beinhaltet, plötzlich nicht mehr existiert? Hoffnungsvolle Erwartungen, wie erfolgreiche Krebs-Prävention oder -Behandlung, blieben unerfüllt.

Die Antwort auf dieses alarmierende Szenario ist ELIXIR - European Life Science Infrastructure for Biological Information, eine von der Europäischen Union lancierte Initiative um den zukünftigen Zugang zu biologischen Daten zu sichern. Ihr Ziel ist es, Zusagen zu Finanzmitteln von staatlichen Stellen, wohlthätigen Stiftungen, der Industrie und zwischenstaatlichen Organisationen in ganz Europa zu erhalten. Sie will auch eine erstklassige Infrastruktur für das Management und die Integration von Informationen in der Forschung stärken und aufrechterhalten. Dieses Ziel kann durch Konzentration auf zwei Kernpunkte erreicht werden: Koordination, und Garantien für nachhaltige Finanzierung.

### Was wird ELIXIR bringen?

Am Projekt sind alle Interessenvertreter der europäischen Bioinformatik vertreten, von den Datenanbietern bis zu den Endverbrauchern, um alle Bedürfnisse und nötigen Ressourcen beurteilen zu können. Dies soll zu einem strukturierten Bioinformatik-Netzwerk werden, welches Daten, Werkzeuge, Koordination, Integration, Support, Standards und Schulung für die gesamte Naturwissenschaftliche Forschung liefert. Dies wiederum trägt zu einer Verbesserung der Lebensqualität mit besserer Gesundheitspflege für eine alternde Bevölkerung, nachhaltiger Nahrungsmittelversorgung, wettbewerbsfähigen pharmazeutischen und biotechnischen Industrien und besserem Umweltschutz bei.



### Wie werden sich die Schweiz und das SIB an diesem Projekt beteiligen?

Mit seiner Rolle als Schweizerische Forschungs-Infrastruktur für biologische Daten ist das SIB auf nationaler Ebene schon, was ELIXIR auf Europäischem Niveau werden will. Dank der Unterstützung der Schweizerischen Eidgenossenschaft ist die Schweiz das einzige Land mit einer derart soliden Infrastruktur. Deshalb bestehen auch keine Zweifel, dass das SIB, als Anbieter zahlreicher bekannter Ressourcen für die internationale Forschungsgemeinschaft, eine tragende Rolle in diesem Projekt spielen wird.

Weiterführende Information finden Sie unter [www.elixir-europe.org](http://www.elixir-europe.org).

### Beziehungen zu Indien gefestigt



In 2009 beschlossen der Wissenschaftsrat der Schweizer Botschaft in Neu Delhi und das SIB, die Schweizerischen und Indischen Bioinformatik Institute zusammenzubringen, um mögliche Formen der Zusammenarbeit zu diskutieren.

Ende Oktober organisierten die beiden Institute deshalb ein gemeinsames Symposium am Indian Institute of Technology (IIT) in Neu Delhi, an welchem das SIB und grössere Indische Bioinformatik Institute ihre Aktivitäten und Projekte vorstellten. Wir erwarten, dass die offenen Gespräche in Anwesenheit von Repräsentanten der Indischen Regierung den Weg zu einer erfolgreichen Zusammenarbeit ebnen.

### Ausbildung und Öffentlichkeitsarbeit

Das SIB bietet professionelle Kurse in Bioinformatik, Workshops und Beratung für Forscher an. Wie anhand der Teilnehmerzahlen und der Wartelisten gesehen werden kann ist die Nachfrage an solchen Kursen gross. Mehrere Kurse und Workshops wurden im Laufe dieses Jahres durchgeführt:

Vier einwöchige Kurse

- Einführung in Statistik für Biologen
- Perl und Präsentationstechniken
- Computeranalyse von UHT Sequenzierungsdaten
- Fortgeschrittene Statistik: Statistisches Modellierung

Ein- und zweitägige Kurse oder Workshops

- Perl Programmierung für die Life Sciences
- Hochleistungscomputing (HPC) in den Life Sciences
- Protein-Identifikation durch Massenspektrometrie

Alle Kurse waren vollständig ausgebucht, und die ein- bis zweitägigen Workshops mussten sogar verdoppelt werden, um der Nachfrage gerecht zu werden. Die Qualität und der Bezug zu aktuellen Bedürfnissen erklären den Erfolg dieser Kurse.



Der diesjährige Höhepunkt war der Kurs „Perl und Präsentationstechniken“, für welchen das SIB Damian Conway aus Australien einlud, einen der bekanntesten Spezialisten der Skriptsprache Perl weltweit. Perl (Practical Extraction and Report Language) ist eine Skriptsprache, die bei Leuten sehr beliebt ist, die regelmässig Programme zur Datenanalyse schreiben müssen, wie zum Beispiel Monica Albarca Aguilera, ein Postdoc in Biologie an der EPFL (Eidgenössische Technische Hochschule Lausanne): „Ich fand die Kurse über Perl sehr interessant. Sie gaben einen guten Überblick über die Möglichkeiten dieser Programmiersprache. Damian Conway gab uns präzise Erklärungen und schaffte es, unsere Aufmerksamkeit während des ganzen Kurses zu halten.“ Da sie eine Menge Daten aus ihren High-throughput-Experimenten analysieren muss, hat Monica schon mehrere SIB Kurse besucht, und hofft, dass noch weitere folgen werden.

Auf diesem Erfolg aufbauend plant das Schulungs-Team bereits das Programm für 2011, welches beinhaltet:

- Ein Einführungskurs in Statistik
- Ein Unix/Perl-Kurs
- Ein Einführungskurs in Microarray-Datenanalyse
- Ein Fortgeschrittenenkurs in Statistik
- Eine Wiederholung der diesjährigen Workshops und zusätzlich einige neue über verschiedene Bioinformatik-Projekte.

### Verbindung zur Industrie

#### Alle Bioinformatikkurse auf einen Klick!

Die Bioinformatik zu fördern und die Ausbildung in Bioinformatik in der Schweiz zu koordinieren ist Teil der Missionen des SIB. Schon heute Organisator der meisten Bioinformatik-Kurse, bietet das SIB nun eine komplette Liste aller in der Schweiz organisierten Kurse auf seiner Webseite an ([www.isb-sib.ch/education](http://www.isb-sib.ch/education)). Mit diesem Service möchte das SIB den Studenten den Zugang zu diesen Informationen und auch die Einschreibung zu diesen Kursen erleichtern. Studenten haben sogar die Möglichkeit, sich auf einer Verteilerliste einzutragen um automatisch Nachrichten zu neu angebotenen Kursen zu erhalten. Bis heute haben sich in etwa 1'500 Leute eingetragen – hauptsächlich Studenten aus früheren Kursen – und noch viele mehr werden erwartet.

#### MELANIE, eine Software macht den Unterschied

MELANIE ist ein Softwarepaket für die Analyse von Bildern von zweidimensionalen Elektrophorese-Gelen. Auf jedem Gel wird eine Mischung von Proteinen, zum Beispiel aus einer Blut- oder Gewebeprobe, nach Grösse und Ladung separiert und bildet eine charakteristische Protein-Karte.

Die Software erlaubt den Vergleich zwischen mehreren Proben oder Gelen und misst die Expressionsunterschiede der Proteine zur statistischen Auswertung und Analyse. Dies ist erforderlich für Studien, die zum Beispiel den Unterschied zwischen normalen Zellen und bösartigen Krebszellen untersuchen, oder auch um die Auswirkungen von Medikamenten auf den Organismus zu erforschen.

Das Ziel ist es, spezifische Proteine zu identifizieren, welche Proben unterscheiden können, oder Muster in der Protein-Koexpression zu finden, welche mögliche Rückschlüsse über Protein-Regulation und -Interaktionen zulassen. Diese Informationen erlauben das Entwickeln von Biomarkern für diagnostische Zwecke oder die Identifizierung von möglichen Wirkstoffzielen für Arzneimittel.



MELANIE begann als ein Doktorats-Projekt in 1983 und wuchs zu einem Softwarepaket, das seit seiner kommerziellen Einführung in 1994 von tausenden von Kunden eingesetzt wird. Es wird weiterentwickelt und ständig verbessert von der SIB Proteome Informatics Gruppe um Frédérique Lisacek unter der Aufsicht von Daniel Walther, der das Software-Entwicklungsteam seit 1996 leitet. Das Team arbeitet eng mit Sonja Voordijk zusammen, MELANIE's Produktmanager bei GeneBio, und mit GE Healthcare, durch welche die Software auch

unter dem Namen ImageMaster™ 2D Platinum vertrieben wird. Diese Zusammenarbeit mit GeneBio und GE Healthcare verschafft dem SIB Lizenzgebühren, die ihm die Finanzierung und Weiterentwicklung von Melanie erlauben.

Forscher aus pharmazeutischen, biotechnologischen oder wissenschaftlichen Forschungsgruppen setzen auf MELANIE zur Analyse ihrer 2D-Gel-Experimente, um Fragen wie „Erkennen wir Proteine oder Proteinmuster, die charakteristisch für einen Tumor sind?“ zu beantworten.

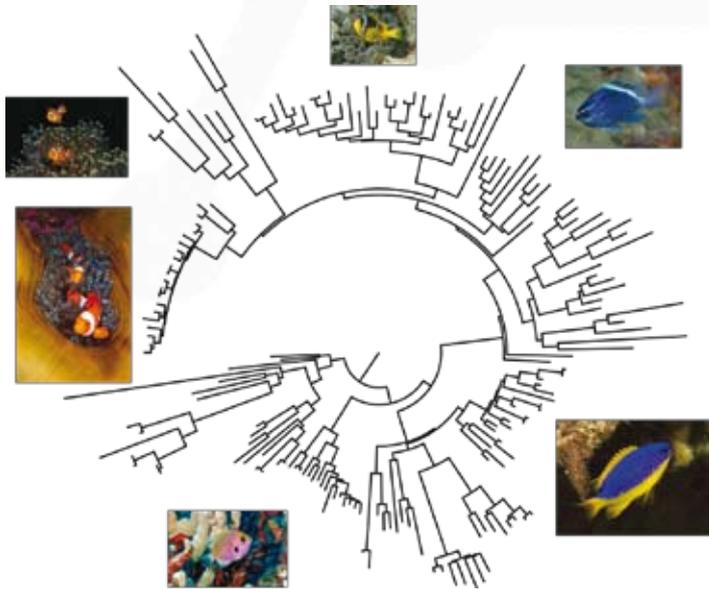
Die verschiedenen Analyse-Methoden in MELANIE helfen, diese Fragen anzugehen und helfen bei der Auswahl von Proteinen zur weiteren Analyse durch Massenspektrometrie.

*(ImageMaster ist ein eingetragenes Markenzeichen der GE Healthcare companies.)*

### Was ist Bioinformatik?

In den letzten 30 Jahren haben neue biologische Forschungstechniken und neue Entwicklungen in der Informatik sowohl die Menge als auch die Komplexität an biologischen Daten enorm anwachsen lassen. Aus diesem Grund behelfen sich Forscher oftmals der Informatik um biologischen Fragestellungen gegenüberzutreten – einer Wissenschaft, die sich Bioinformatik nennt.

Naturwissenschaftler nutzen die Bioinformatik um grosse Mengen an Daten zu speichern, zu verarbeiten und zu analysieren, und damit ihr Wissen und ihr Verständnis biologischer Prozesse zu erweitern. Dies wiederum kann zu wissenschaftlichen Durchbrüchen führen, die unseren Lebensstandard verbessern – zum Beispiel die Entwicklung besserer medizinischer Behandlungsmethoden oder die Steigerung von Ernteerträgen.



### Über das SIB [www.isb-sib.ch](http://www.isb-sib.ch)

Das SIB Schweizerische Institut für Bioinformatik ist eine akademische, gemeinnützige Stiftung, die Aktivitäten der Bioinformatik in der ganzen Schweiz verbündet. Sein zweigeteilter Auftrag umfasst einerseits das Bereitstellen der wichtigsten Bioinformatik-Ressourcen für die nationale und internationale naturwissenschaftliche Forschung in zentralen Bereichen wie der Genomik, der Proteomik und der Systembiologie; andererseits das Führen und Koordinieren im Bereich der Bioinformatik in der Schweiz.

Es verfolgt eine langjährige Tradition in der Entwicklung modernster Software für die naturwissenschaftliche Forschung und in der Erstellung sorgfältig annotierter Datenbanken. Das SIB besteht aus 29 Forschungs- und Dienstleistungsgruppen von Weltrang, die 400 Bioinformatik-Forscher in den Bereichen der Proteomik, Transkriptomik, Genomik, Systembiologie, Strukturbiologie, Evolutionsbiologie, Modellierung, Bildverarbeitung, Biophysik und Populationsgenetik in Basel, Bern, Genf, Lausanne und Zürich umfassen. Die Fachkenntnis des SIB wird weithin geschätzt, und seine Dienstleistungen werden weltweit von Forschern der Naturwissenschaften in Anspruch genommen.

#### Partnerinstitute:

- Eidgenössische Technische Hochschule Lausanne (EPFL)
- Eidgenössische Technische Hochschule Zürich (ETHZ)
- Universität Basel
- Universität Bern
- Universität Genf
- Universität Lausanne
- Universität Zürich
- Ludwig Institut für Krebsforschung (LICR)
- Friedrich Miescher Institut für Biomedizinische Forschung (FMI)
- Geneva Bioinformatics (GeneBio) S.A.
- Hewlett Packard

*Eine komplette Liste der SIB-Forschungsprojekte finden Sie unter [www.isb-sib.ch/research/projects](http://www.isb-sib.ch/research/projects).*

*Phylogenetischer Stammbaum  
© Nicolas Salamin und Glenn Litsios*



Swiss Institute of Bioinformatics

**SIB | Swiss Institute of Bioinformatics**  
Quartier Sorge  
Bâtiment Géopode  
CH-1015 Lausanne  
Schweiz  
t +41 21 692 40 50  
f +41 21 692 40 55  
[www.isb-sib.ch](http://www.isb-sib.ch)

Swiss Bioinformatics wird von SIB Communications mit Beiträgen von SIB Mitgliedern geschrieben. Gestaltung und Seitenlayout: D. Meyer.