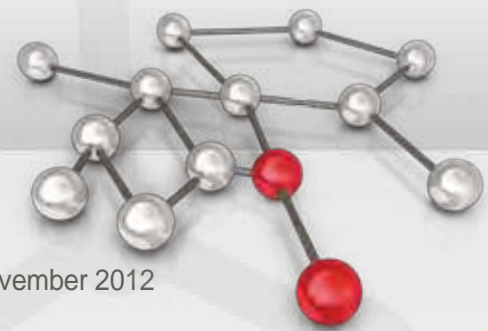


SWISS BIOINFORMATICS

Informationsblatt publiziert vom SIB Schweizerischen Institut für Bioinformatik



Editorial



Der wachsende Bestand an Bioinformatikern widerspiegelt wie unentbehrlich die Unterstützung der Bioinformatik in den heutigen Life Sciences geworden ist. Kein Forschungsprojekt der Life Sciences kommt heute ohne die Hilfe von bioinformatischen Datenbanken, Ressourcen oder Fachkenntnissen aus. Dies erklärt auch, weshalb unser Institut allein in diesem Jahr um acht neue Gruppen stärker geworden ist und nun über 550 Mitglieder zählt; und es erklärt auch, weshalb immer mehr Lehrstühle für Bioinformatik an den Schweizer Universitäten geschaffen werden.

Dieser Erkenntnisprozess findet weit über die Schweizer Grenzen hinaus statt. Die ECCB, die European Conference on Computational Biology (Europäische Konferenz für

computergestützte Biologie), ist ein ausgezeichnetes Barometer für das enorme Interesse und die Aktivitäten auf diesem Gebiet. Die diesjährige Ausgabe wurde vom SIB und dem Biozentrum der Universität Basel organisiert und fand vom 9. bis 12. September in Basel statt. Die Konferenz war ein aussergewöhnliches Ereignis, nicht nur bezüglich dem hervorragenden Programm, sondern auch bezüglich Teilnehmerzahl: die ursprünglich prognostizierte Zahl von 600 Teilnehmern wurde verdoppelt! Während vier intensiven Tagen tauschten 1200 Experten und Forscher ihre Ansichten über die neuesten Trends und Entwicklungen auf ihrem Gebiet aus.

Mit Blick auf die enormen Mengen an Daten, die die Forscher in den kommenden Jahren zu bewältigen haben, und der Dringlichkeit, mit der wir Lösungen für die grossen Herausforderungen unserer Gesellschaft finden müssen, – wie das Gesundheitswesen für eine immer älter werdende Gesellschaft, Nahrungsmittelsicherheit, effiziente Energieverwendung und Umweltschutz –, können wir sagen, dass die Bioinformatik nicht nur eine Modeerscheinung unserer Zeit ist, sondern eine wichtige Disziplin, der es den ihr zustehenden Platz und die nötige Aufmerksamkeit zu schenken gilt. Als ein Lieferant von wertvoller Hilfestellung für die Forschung braucht die Bioinformatik nun ihrerseits Unterstützung. Die zur Verfügung stehenden Mittel zur Entwicklung neuer und dem Unterhalt bestehender Bioinformatik-Ressourcen sind nicht ausreichend, um der steigenden Nachfrage an sowohl gut ausgebildeten Mitarbeitern wie auch an neuen Technologien und Infrastrukturen gerecht zu werden.

Das SIB ist sich der Notwendigkeit bewusst, die nächste Generation an spezialisierten Bioinformatikern auszubilden, und hat eine Vielzahl an Kursen, Workshops und Seminaren organisiert, um ihnen zu helfen, auf dem neusten Stand der Entwicklungen und der Technologien zu bleiben. Dank der Unterstützung von grosszügigen Partnern kann das SIB heute nun einen Schritt weiter gehen und sein Stipendien-Programm vorstellen, welches es einer Auswahl der weltweit besten Studenten ermöglichen wird, ihre Doktorarbeit in einer der 38 Forschungs- und Dienstleistungsgruppen des SIB in der ganzen Schweiz durchzuführen. Die Aufforderung zur Einreichung von Bewerbungen hat begonnen und das Programm wird Anfang 2013 starten. Das SIB hat grosse Pläne für dieses Programm und seine zukünftige Entwicklung.

Ron Appel, Direktor

● November 2012

Inhaltsverzeichnis

● Editorial	1
● News in Kürze	1
● Ausbildung und Öffentlichkeitsarbeit	2
● Bericht vom ECCB'12	2
● Forschung	3
● Erfolgsstory	4
● Zum Thema Bioinformatik und SIB	4

News in Kürze



Hinschied von Peter Malama

Am 22. September verstarb der Nationalrat und Stiftungsratspräsident des SIB, Peter Malama. Die schweizerische Forschungsgemeinschaft und das SIB verlieren mit ihm einen treuen Freund und werden seinen unermüdlichen Einsatz für die wissenschaftliche Forschung und den Fortschritt vermissen.

Chromosomewalk.ch

Die französische Ausgabe der neuen, virtuellen Ausstellung des SIB ist seit Juli 2012 online und äusserst erfolgreich. Die englische Version wird im Dezember verfügbar sein, und damit einem noch grösseren Publikum erlauben, sich mit der faszinierenden Welt der Chromosomen und ihren Genen vertraut zu machen. www.chromosomewalk.ch

SIB unterzeichnet Absichtserklärung GOBLET aufzubauen

Im Juli unterzeichnete das SIB eine Absichtserklärung, eine globale Organisation für das Lernen und die Aus- und Weiterbildung in der Bioinformatik (GOBLET, Global Organisation for Bioinformatics Learning, Education and Training) aufzubauen. GOBLET soll eine Schirmorganisation aufbauend auf Kriterien der Ausbildung und pädagogischer Kompetenz werden. Das Ziel ist es, weltweite Bioinformatik-Bildungsanstrengungen zu koordinieren, internationale Veranstaltungen zu organisieren, Gelder zur Unterstützung der Aktivitäten zu beschaffen, und ein gemeinsames Web-Portal für Ausbildungsmöglichkeiten und Technologien zu eröffnen.

Folgen sie uns auf Twitter



Die letzten Neuigkeiten des SIB sind nun auf Twitter verfügbar. Folgen sie [@isbsib](https://twitter.com/isbsib), um stets auf dem Laufenden über News und Veranstaltungen des SIB zu sein.

NEWS



Ausbildung und Öffentlichkeitsarbeit

Das SIB Stipendien-Programm



Eine der Missionen des SIB ist es, die nächste Generation an Bioinformatikern auszubilden. Dies ist umso wichtiger, als wissenschaftliche Forscher immer grössere Mengen an Daten produzieren und es immer mehr spezialisierte, gut ausgebildete Bioinformatiker benötigt, um diese Daten auszuwerten und zu interpretieren. Das SIB bietet jetzt schon Kurse, Workshops und Seminare an, und möchte nun mit der Einführung des Stipendien-Programms Anfang 2013 noch einen Schritt weiter gehen. Von der Schweizerischen Eidgenossenschaft ausschliesslich für den Ausbau von Bioinformatik Kernressourcen unterstützt, hat es unser Institut geschafft, weitere Mittel zu beschaffen, um einige der weltweit besten Studenten, die eine Bioinformatik-Karriere anstreben, auszubilden. Der Annahmeschluss für Einreichungen von Bewerbungen ist der 15. November 2012.

www.isb-sib.ch/fellowship.html

SIB Open House



Das SIB öffnet seine Türen für junge Forscher, die an einer Karriere in der Bioinformatik interessiert sind. Wir bieten während der nächsten SIB days – der jährlichen Zusammenkunft unseres Instituts am 28. und 29. Januar 2013 – zehn ausgesuchten Bewerbern die Möglichkeit, daran teilzunehmen: für sie eine aussergewöhnliche Gelegenheit, mögliche Betreuer kennenzulernen und alles über Job-Angebote von den Erschaffern von UniProt, SWISS-MODEL, dem ExPASy Server und vielen anderen Schweizer Bioinformatik-Werkzeugen und -Mitteln zu lernen.

Dieses Angebot steht Absolventen eines Bachelor- oder Masters-Studienganges, sowie Doktoranden und Postdoktoranden offen, die ein Interesse in Bioinformatik haben. Der Annahmeschluss für Bewerbungen ist der 10. November 2012.

www.isb-sib.ch/education/openhouse.html

Bericht vom ECCB'12



Die 11. Europäische Konferenz für computergestützte Biologie ECCB fand vom 9. bis 12. September in Basel statt. Die Konferenz, organisiert vom SIB und dem Biozentrum Basel, war ein aussergewöhnlicher Erfolg bezüglich Programm und Teilnehmerzahl. Über tausend Teilnehmer aus der ganzen Welt kamen, um Persönlichkeiten wie Aaron Ciechanover – Nobelpreisträger in Chemie 2004 – Gene Myers, Søren Brunak und Barry Honig zuzuhören.

Highlights

Interview mit dem Hauptredner Gene Myers

Einer der Hauptredner der diesjährigen ECCB in Basel war Gene Myers, bestens bekannt für die Entwicklung von BLAST in den 90er Jahren, dem Tool für Sequenzvergleiche, welches noch heute weltweit

in Gebrauch ist. Nach einigen Jahren bei Celera Genomics, wo er an der Sequenzierung des menschlichen Genoms beteiligt war, arbeitet der Computerspezialist nun am Max Planck Institut in Dresden, wo sein Team an der Extraktion und der Analyse von Informationen aus Mikroskopie-Bildern arbeitet.

Gene Myers hat die Anfänge der Bioinformatik und des Sequenzierens selber miterlebt, und es scheint, als habe er immer ein Gespür dafür gehabt, was den Unterschied ausmachen könnte. „Zu jener Zeit hatte ich kein besonderes Interesse an der Biologie“, gesteht er. „Ich liebte die technische Seite der Aufgaben, und man wollte, dass ich mein Wissen auf DNA Sequenzen anwende. Was ich dann auch tat“. Nach BLAST setzte er seine Karriere auf dem Gebiet der DNA-Sequenzen bei Celera Genomics mit der Sequenzierung des menschlichen Genoms fort, bald gefolgt vom Genom der Maus und der Fruchtfliege.

„Ich kam an einen Punkt, an dem ich eine neue Aufgabe brauchte“, vertraut uns Myers an. Und so wuchs 2002 sein Interesse an einem neu aufkommenden Gebiet: Bildgebungs- und Markierungs-Techniken. „Die Fachrichtung zu wechseln kann äusserst schwierig sein“, meint er. „Ich war eine führende Persönlichkeit auf meinem Gebiet, und wurde von einem Tag auf den Nächsten zu einem Anfänger“. Es brauche eine Prise Demut. Ein Richtungswechsel ist auch riskant, eine Garantie, dass es funktioniert, gibt es nicht. Auch die Beschaffung von Geldmitteln kann zu einer Bürde werden. In dieser Hinsicht bedauert Myers das aktuelle, etwas engstirnige System, welches Gelder vergibt aufgrund der wissenschaftlichen Erfahrung, die ein Forscher auf einem gewissen Gebiet aufweisen kann, anstatt dem allgemeinen Verdienst als Wissenschaftler.

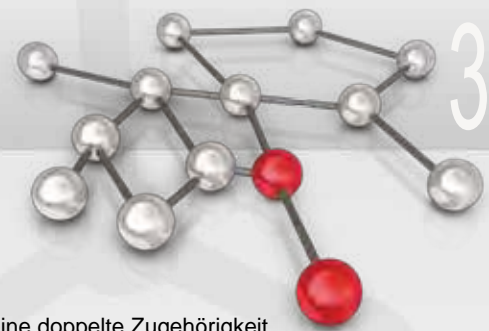
„Über die Jahre habe ich ein wirkliches Interesse für die Biologie, und wie eine Zelle funktioniert, entwickelt“, fährt er fort. Heutzutage ist es möglich, etwa 40'000 Gen-Produkte zu markieren, und Myers sucht Verfahrensweisen, um dies in einem Massstab von 250 Nanometern zu untersuchen! Denkt er an Anwendungsmöglichkeiten seiner Forschung? „Alles was ich will, ist, in das Innere einer Zelle schauen zu können und zu beobachten, was dort vor sich geht“, erklärt er. „Es ist eine sehr komplexe Story“. Trotz dieser Aussage glaubt Myers, dass moderne Bildgebungs-Techniken zu einem Standard in der Forschung werden, da sie mehr Informationen über Vorkommnisse auf subatomarem Niveau offenbaren als jegliche andere zurzeit verwendete Technik. Ist er ein Visionär? „Vielleicht sehe ich Dinge, die andere nicht sehen“, sagt er. „Das einzige, was ich aber wirklich will, ist die kommende Generation inspirieren“.

1. und 2. Preis für das beste Poster an SIB Mitglieder

Während der Konferenz wurden um 500 Poster ausgestellt. Der Preis für das beste Poster ging an Adem Bilican, Anamaria Necselea und Henrik Kaessmann, vom SIB und dem Zentrum für Integrative Genomik (Universität Lausanne) für ihr neuartiges Poster „The evolution of alternative splicing patterns and splicing regulatory mechanisms in vertebrates“, welches eine 3D-App mit einbezog. Sie haben auf jeden Fall den Weg zu einer neuen Generation von Postern aufgezeigt!

Der 2. Preis ging an Barbara Piasecka, Pawel Lichocki und Marc Robinson-Rechavi, vom SIB und der Universität Lausanne, für ihr Poster „Modular approach uncovers different developmental patterns of evolution on different molecular levels“.





Alles Gute zum Geburtstag UniProt!

UniProt feiert seinen 10. Geburtstag. Aus diesem Anlass besuchten etwa 150 Forscher aus aller Welt am 8. September den Workshop 'Bioinformatics Research Infrastructure for the Life Sciences: The First 10 Years of UniProt' an der ECCB12 Konferenz in Basel.



Einige Zitate:

„Ein wundervolles Beispiel einer erfolgreichen Zusammenarbeit verschiedener Leute in verschiedenen Nationen“.

Rolf Apweiler, EBI

Vielen Dank an UniProt, „welche uns mit diesen fundamentalen und unentbehrlichen Informationen versorgt“

Minoru Kanehisa, Kyoto University, Japan

„UniProt ist eine wirklich wundervolle Ressource: zugänglich, ansprechbar, ein Platz für den gegenseitigen Austausch von Informationen“.

Judith Blake, Mouse Genome informatics, USA

12 angesehene Redner beschrieben ihre Forschungsarbeit und wie sie von UniProt in ihren verschiedenen Forschungsrichtungen wie Protein-Protein Wechselwirkungen, Protein-Modellierung, Proteomik, Genom-Analyse und Genom-Annotation Gebrauch machen. Zusätzlich wurden 20 Poster präsentiert, welche aufzeigten, wie Protein-Datenbanken die heutige Forschung der Life Sciences unterstützen. Der Workshop war ein voller Erfolg, und belegte, wie viele Tools und andere Ressourcen von UniProt abhängen.

UniProt ist eine Zusammenarbeit zwischen dem SIB, dem European Bioinformatics Institute (EBI) und der Protein Information Resource (PIR). In diesen drei Instituten arbeiten mehr als hundert Leute in verschiedensten Aufgaben wie der Pflege des Inhalts, der Softwareentwicklung und dem Support. Die Mission von UniProt ist das Bereitstellen einer vollständigen, hoch-qualitativen und frei zugänglichen Ressource von Protein-Sequenzen und deren funktioneller Annotation

Forschung

e-Bioinformatiker: eine wertvolle Verbindungsbrücke

Forscher der Life Sciences produzieren täglich eine immer grösser werdende Menge an Daten, und dieser Trend wird sich in den kommenden Jahren noch verstärken. Es ist von äusserster Wichtigkeit für sie, nicht nur zu wissen, wie man diese Daten möglichst effizient speichert, sondern auch wie man möglichst schnell die entsprechenden Analysen der Resultate durchführt. Die Forscher konnten, wenn sie Beratung und Hilfe benötigten, bis anhin das SIB kontaktieren, dessen Kernrichtungen Unterstützung in Informatik und Statistik anbieten. Die immer grösser werdende Nachfrage von Labors nach festangestellten Bioinformatikern für eine bessere Integration ins Labor und ins Team hat das SIB jedoch dazu bewogen, ein neues Konzept einzuführen: den eingebetteten (embedded) Bioinformatiker, oder eben „e-Bioinformatiker“.

Was genau ist ein e-Bioinformatiker?

e-Bioinformatiker haben eine doppelte Zugehörigkeit und bilden eine Art Verbindungsbrücke zwischen dem SIB und externen Forschungsprojekten. Einerseits sind sie Mitglied einer SIB-Gruppe, und andererseits können sie nach Bedarf zeitweise einem externen Forschungsprojekt oder Labor zugewiesen werden.

Der e-Bioinformatiker stellt all seine oder einen Teil seiner Zeit den Forschungsprojekten der externen Gruppe zur Verfügung, während er zusammen mit einer SIB-Gruppe an diesen Forschungsprojekten arbeitet. Er erstattet dem Forschungsgruppenleiter Bericht über die biologischen und experimentellen Aspekte der Arbeit, während er mit dem SIB-Gruppenleiter über die bioinformatischen und technischen Aspekte diskutiert.

Ein solches Modell wurde schon mit Erfolg in Forschungsgruppen an den Universitäten von Basel, Bern, Lausanne und Genf, sowie der EPFL und dem CHUV realisiert, mit über 30 e-Bioinformatikern verteilt über diese Institute.

David Gatfield, Zentrum für Integrative Genomik, Universität Lausanne

Zum Zeitpunkt als David Gatfield die Forschungsgelder versprochen bekam, um seine eigene Forschungsgruppe aufzubauen, wusste er schon, dass seine Projekte eine starke Unterstützung der Bioinformatik benötigen würden. „Zu Beginn dachte ich, dies könnte auf Basis von Zusammenarbeiten mit anderen Gruppen, die die benötigten Kompetenzen haben, bewerkstelligt werden“, meint der Forscher. Es wurde ihm aber bald bewusst, dass die enorme Menge an Daten, die seine Gruppe produzierte, zu einem Problem und damit zum Engpass für die meisten Projekte werden würde. Es brauchte ein weiteres Jahr, um die Gelder für einen eingebetteten Bioinformatiker zu beschaffen und um einen geeigneten Kandidaten zu finden – einen früheren Genetiker und nun Computerspezialisten, Bulak Arpat.

„Die Zusammenarbeit hat meine Erwartungen bei weitem übertroffen“, schwärmt Gatfield. Gerade mal vier Monate nachdem Arpat zu der Gruppe gestossen war, verhalfen seine Informatikkenntnisse mehreren Projekten zu spürbaren Fortschritten, und zwar jene Projekte, die grosse Mengen Sequenzierungsdaten beinhalteten. Gatfield bringt seine Freude darüber zum Ausdruck, wie die benötigte Zeit zwischen Sequenzierung, Datenanalyse und der Erstellung neuer Hypothesen für das Labor kontinuierlich abnimmt. Er erklärt auch, einen Bioinformatiker zur Hand zu haben, mache die Verständigung umso spontaner und leichter. „Arpat begann als Experimental-Biologe, und dies ist von Vorteil“, sagt Gatfield. „Seine analytischen und quantitativen Ansätze werden einen grossen Beitrag zu den experimentellen Aspekten unserer Projekte liefern“.

Bulak Arpat, e-Bioinformatiker

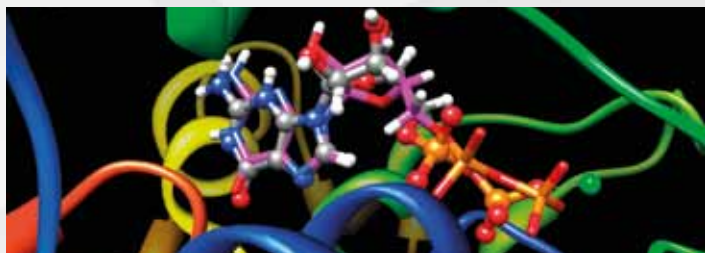
Bulak Arpat setzt seine Computerkenntnisse innerhalb David Gatfields Forschungsgruppe am Zentrum für Integrative Genomik an der Universität Lausanne ein. Ausgebildet als Biologe und Genetiker mit ausgeprägtem Laborhintergrund gefällt dem jungen Forscher seine Rolle als Verbindungsbrücke zwischen den Life Sciences und der Informatik, in der er an beiden Welten teilhaben kann. „Ich betrachte es als Vorteil mich sowohl mit Biologen als auch mit Computerexperten verständigen zu können“, meint Bulak. Auch gefällt es ihm, in ein Spezialgebiet einer Forschung eingebunden zu sein, da es ihm die Möglichkeit bietet, sich mit einem spezifischen Thema besser vertraut zu machen.

Obwohl Bulak erst seit kurzer Zeit in Gatfields Gruppe arbeitet, hat sich die Zusammenarbeit schon jetzt gelohnt. Er geniesst den Kontakt zu den Forschern aus den unterschiedlichen Fachbereichen und den Gedankenaustausch in den verschiedenen Kooperationsprojekten. Er schätzt besonders den Austausch mit den Experimental-Forschern, die besonderen Wert auf das experimentelle Setup, die Auswertung und die Interpretation legen. Natürlich kommuniziert der Wissenschaftler auch mit traditionellen Bioinformatikern und Statistikern, mit welchen er sein Wissen um die technischen Aspekte vertieft. „Die Zusammenarbeiten sind so eng“, sagt Bulak, „das ich mein Wissen auch in Bereichen abseits der Bioinformatik erweitern kann, was grossartig ist“.

Erfolgstory

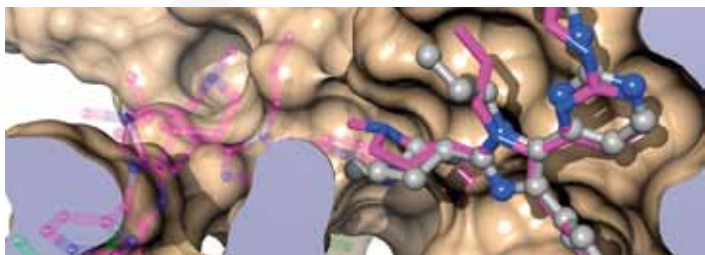
SwissDock: Eine erfolgreiche Drug Design-Entwicklung

Olivier Michielin und seine SIB Molecular Modelling Forschungsgruppe in Lausanne entwickeln Molekülmodellierungs-Anwendungen – namentlich EADock, welches sich besonders in der Wirkstoffentwicklung gegen Krebs auszeichnete. Obwohl erst gerade zwei Jahre jung, wird SwissDock – das Web-Interface zu EADock – schon jetzt von Forschern weltweit benutzt.



„Ich schätze das Gebiet der 3D-Modellierung sehr, weil es eine Möglichkeit bietet, die klassischen Wissenschaften wie Chemie und Physik mit den Life Sciences, und im speziellen den medizinischen Wissenschaften, zu verbinden“, erklärt Olivier Michielin. Er und sein Team – Aurélien Grosdidier, Vincent Zoete und Ute Röhrig – entwickeln ein Docking-Tool, bekannt unter dem Namen EADock, um niedermolekulare Inhibitoren zu entwickeln. Das Interesse der Gruppe an Krebs stand schon am Anfang von Michielins Forschung. „Allerdings sind sich die Bioinformatik und die Krebsforschung erst in den letzten zehn Jahren näher gekommen“, betont er.

Seit nunmehr fünf Jahren arbeitet das Team an einem Hemmstoff für ein Schlüsselenzym, welches Tumore vor dem Immunsystem verbergen kann. „Dabei zeigte sich EADock – und Ute Röhrigs und Vincent Zoetes massgebliche Erfahrung – äusserst erfolgreich. Die Gruppe schaffte es, Moleküle zu entwerfen, die dieses bestimmte Zielprotein schon bei nanomolaren Konzentration hemmt. „Die Wirkung der Moleküle wurde in Mäusen bestätigt, und wir hoffen, mit klinischen Studien innerhalb der nächsten zwei Jahre zu beginnen“.



Das Team entwickelt auch ein Web-Service unter dem Namen SwissDock, um EADock auch der wissenschaftlichen Gemeinschaft zugänglich zu machen. Ziel ist es, so vielen Wissenschaftlern wie möglich, und insbesondere Biologen, das Drug Design leicht zugänglich zu machen. Die Reaktionen, die die Gruppe von auswärtigen Forschern und Mitarbeitern erhält, sind sehr ermutigend, und helfen EADock und SwissDock weiter zu verbessern.

In den letzten 12 Monaten wurde SwissDock 23'000 mal besucht und verzeichnete 138'900 Seitenaufrufe, für ein Total von 6'000 Modellierungs-Aufträge! Die meisten Besucher kommen aus Europa und aus Indien, gefolgt von den USA. „Der Service ist erst seit zwei Jahren online, wird aber schon regelmässig in wissenschaftlichen Publikationen über Anwendungen der Wirkstoffentwicklung zitiert“, fährt Michielin fort. „Ein ausgezeichnetes Resultat, berücksichtigt man die Zeit, die es braucht, um eine Wirkstoffentwicklung fertigzustellen und sie anschliessend zu publizieren!“

„Wir sind besonders erfreut über den hohen Anteil an Biologen (60%), die SwissDock benützen. Die Wissenschaftler haben die Möglichkeit, am Ende eine Nachricht über ihre Resultate oder ihre Erfahrung mit SwissDock zu hinterlassen, und wir haben schon hunderte von positiven Kommentaren zur Qualität und der benutzerfreundlichen Oberfläche von SwissDock erhalten. Dies stimmt uns natürlich zuversichtlich und ermutigt uns zur Weiterentwicklung“.

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

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 38 Forschungs- und Dienstleistungsgruppen von Weltrang, die mehr als 550 Bioinformatik-Forscher in den Bereichen der Proteomik, Transkriptomik, Genomik, Systembiologie, Strukturbiochemie, Evolutionsbiologie, Modellierung, Bildverarbeitung, Biophysik und Populationsgenetik in Basel, Bern, Freiburg, Genf, Lausanne, Lugano 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 Freiburg
Universität Genf
Universität Lausanne
Università della Svizzera italiana, Lugano
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.



Swiss Institute of
Bioinformatics

SIB | Swiss Institute of Bioinformatics

Quartier Sorge
Bâtiment Génomode
CH-1015 Lausanne
Schweiz

t +41 21 692 40 50
f +41 21 692 40 55
www.isb-sib.ch

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