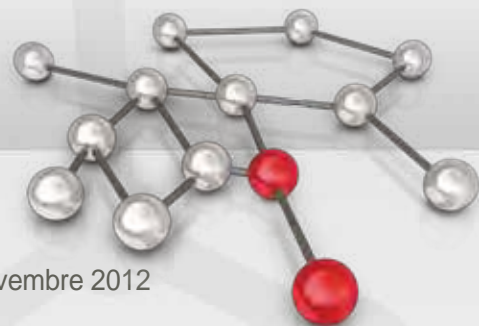


SWISS BIOINFORMATICS

Bulletin d'information publié par le SIB Institut Suisse de Bioinformatique



Editorial



La bioinformatique est indispensable à la recherche en sciences de la vie. La constante augmentation de la communauté bioinformatique en est la preuve. Un projet de recherche en sciences de la vie ne peut se concevoir aujourd'hui sans recours aux bases de données, aux outils et à l'expertise bioinformatiques. Ceci explique pourquoi notre institut ne cesse de grandir – avec l'ajout de huit nouveaux groupes cette année, le SIB regroupe plus de 550 membres – et les universités suisses créent de plus en plus de chaires en bioinformatique.

Cette prise de conscience collective s'étend au-delà de la frontière suisse. ECCB, la Conférence européenne en biologie computationnelle, fait office de baromètre et permet

de mesurer l'intérêt et l'activité dans ce domaine. Organisée par le SIB et le Biozentrum de l'Université de Bâle, l'édition de cette année s'est tenue à Bâle du 9 au 12 septembre et s'est avérée être un cru exceptionnel tant du point de vue du programme que de l'affluence: le nombre de participants initialement prévu a doublé! En effet, au lieu des 600 attendus, ce sont 1200 experts et chercheurs qui ont pris part à quatre jours d'échanges intenses sur les dernières tendances et les récents développements de la bioinformatique.

Etant donné le nombre vertigineux de données que les chercheurs auront à traiter dans les années à venir, et l'urgence à trouver des solutions aux grands défis auxquels nos sociétés se trouvent confrontées – tels que de meilleurs soins pour une population vieillissante, la sécurité alimentaire, l'énergie et la protection de l'environnement –, la bioinformatique n'est pas un phénomène de mode, mais bien une discipline qui requiert toute l'attention et la place qu'elle mérite. Précieux soutien de la recherche, la bioinformatique a, à son tour, besoin de soutien. Les fonds disponibles pour le développement et la maintenance de ressources bioinformatiques ne suffiront plus à pourvoir à la demande croissante en spécialistes, aux méthodologies et à l'infrastructure.

Bien conscient de la nécessité de former les bioinformaticiens de demain, le SIB organise depuis plusieurs années toute une variété de cours, ateliers et séminaires qui permettent aux bioinformaticiens de se familiariser avec les derniers outils et tendances. Grâce au soutien de généreux partenaires, le SIB fait un pas de plus avec le lancement de son programme Fellowship (programme de bourse) qui donnera la possibilité à quelques étudiants, sélectionnés parmi les meilleurs dans le monde, d'effectuer leur diplôme de recherche dans l'un des 38 groupes de recherche et services du SIB. L'appel à candidatures est ouvert et le programme démarrera début 2013. Le SIB place de grands espoirs dans ce programme et son développement futur.

Ron Appel, directeur

● Novembre 2012

Table des matières

| | |
|--|---|
| ● Editorial | 1 |
| ● Les brèves | 1 |
| ● Formation et sensibilisation | 2 |
| ● Rétrospective sur ECCB'12 | 2 |
| ● Recherche | 3 |
| ● Success story | 4 |
| ● A propos de la bioinformatique et du SIB | 4 |

Les brèves



Disparition de Peter Malama

Le 22 septembre, Peter Malama, conseiller national et président du Conseil de Fondation de notre institut est décédé. La communauté scientifique suisse et le SIB ont perdu un ami fidèle qui a toujours fait preuve d'un soutien indéfectible à la recherche scientifique et au progrès.

Chromosomewalk.ch

La version française de notre exposition virtuelle est en ligne depuis juillet 2012 et remporte déjà un franc succès. La version anglaise sera disponible dès décembre et permettra à un public plus large de se familiariser avec le monde fascinant des chromosomes et de leurs gènes.

www.chromosomewalk.ch

Le SIB signe la lettre d'intention pour la création de GOBLET

En juillet, le SIB a signé la lettre d'intention pour la création de l'Organisation mondiale pour la formation en bioinformatique, GOBLET (Global Organisation for Bioinformatics Learning, Education and Training). GOBLET deviendra un pôle d'excellence en formation et pédagogie, dont l'objectif est de coordonner à l'échelle mondiale les projets de formation, l'organisation d'événements, la collecte de fonds nécessaires au soutien du projet et la création d'un portail internet donnant accès aux informations et outils pédagogiques.

Suivez-nous sur Twitter



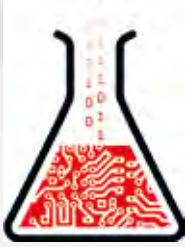
L'actualité du SIB est à présent disponible sur Twitter. Pour recevoir au plus vite les dernières nouvelles de notre institut, rien de plus simple: suivez-nous! @isbsib

NEWS



Formation et sensibilisation

Programme «SIB Fellowship»



Former les bioinformaticiens de demain fait partie des missions du SIB. Mission d'autant plus importante que les chercheurs en sciences de la vie génèrent des quantités de données vertigineuses que seuls des bioinformaticiens qualifiés seront à même d'analyser, de visualiser et d'interpréter. S'il organise déjà des cours, ateliers et séminaires depuis quelques années, le SIB souhaite aller aujourd'hui plus loin en démarrant dès 2013 son programme Fellowship. Soutenu par la Confédération exclusivement pour le développement de ressources bioinformatiques, notre institut a collecté des fonds pour attirer les meilleurs étudiants dans le monde souhaitant embrasser une carrière en bioinformatique. Le délai pour l'envoi des candidatures a été fixé au 15 novembre 2012.

www.isb-sib.ch/fellowship.html

SIB Open House



Le SIB ouvre ses portes à de jeunes scientifiques qui envisagent une carrière en bioinformatique. Dix candidats sélectionnés participeront les 28 et 29 janvier 2013 aux SIB Days – la réunion interne annuelle de notre institut – et auront ainsi l'opportunité de rencontrer leurs éventuels futurs responsables et de se renseigner sur les possibilités de carrière parmi les créateurs de SWISS-MODEL, UniProt, le portail ExpASY ainsi que de nombreux autres outils et ressources bioinformatiques suisses.

Cette opportunité s'adresse aux bachelors, masters, doctorants et postdocs intéressés par la bioinformatique. Le délai de soumission des candidatures est fixé au 10 novembre 2012.

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

Rétrospective sur ECCB'12



La 11^e Conférence européenne de biologie computationnelle s'est tenue à Bâle du 9 au 12 septembre. Organisée par le SIB et le Biozentrum de Bâle, cette conférence fut une réussite totale en termes de programme et de taux de participation. Plus de 1'000 participants du monde entier ont entre autres suivi les conférences de Aaron Ciechanover – Prix Nobel de Chimie (2004) – Gene Myers, Søren Brunak et Barry Honig.

Temps forts

Interview du conférencier Gene Myers

Gene Myers, l'un des conférenciers d'honneur, est surtout connu pour BLAST, l'outil d'alignement de séquences qu'il a développé au cours des années 90 et qui continue à être utilisé dans le monde

entier. Après quelques années au sein de Celera Genomics où il a pris part au séquençage du génome humain, Gene Myers est aujourd'hui basé à l'Institut Max Planck à Dresde. Son équipe y extrait des informations à partir d'images obtenues par microscopie.

Gene Myers a assisté aux débuts de la science computationnelle et du séquençage et semble avoir toujours su prédire ce qui peut faire la différence. «Je n'avais alors aucun intérêt particulier pour la biologie, confesse-t-il. J'aimais l'aspect technique des choses et on m'a demandé d'appliquer mon savoir-faire aux séquences d'ADN. C'est ce que j'ai fait.» Après BLAST, sa carrière dans le domaine du séquençage s'est poursuivie avec Celera Genomics et le génome humain, puis celui de la souris et de la Drosophile.

«J'en étais arrivé à un stade où j'avais besoin d'un nouveau défi. En 2002, j'ai commencé à m'intéresser à un nouveau domaine: les techniques d'imagerie et de marquage. Mais changer de voie peut s'avérer très difficile», souligne-t-il. «J'étais un leader dans mon domaine et, du jour au lendemain, je redevais un novice.» Cela requiert une certaine dose d'humilité. Le changement comporte également un risque: l'échec. Et l'aspect financier peut représenter un obstacle. Myers déplore qu'à l'heure actuelle les fonds soient attribués en fonction de l'expérience d'un scientifique dans un domaine précis et non en fonction de son mérite selon ses aptitudes en tant que principal investigateur.

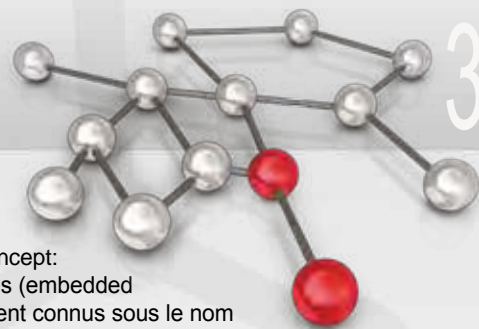
«Au fil du temps, j'ai développé un intérêt réel pour la biologie et le fonctionnement d'une cellule», ajoute-t-il. Il est actuellement possible de marquer près de 40'000 produits géniques et Myers recherche les moyens de les étudier à une échelle de 250 nanomètres! A-t-il des applications précises en tête? «Je veux juste pouvoir explorer l'intérieur d'une cellule et comprendre ce qui s'y déroule, explique-t-il. C'est si complexe.» Cela étant dit, Myers pense que les techniques d'imagerie tendront à devenir une norme de recherche car elles nous révéleront mieux que les techniques actuelles ce qui se passe au niveau sous-moléculaire. Myers est-il un visionnaire? «Je vois peut-être ce que les autres ne voient pas, dit-il. Quoi qu'il en soit, tout ce que je souhaite à présent, c'est inspirer les générations futures.»

1^{er} et 2^e Prix du meilleur poster pour des membres SIB

Environ 500 posters ont été présentés durant la conférence. Le premier prix a été attribué à Adem Bilican, Anamaria Necsulea et Henrik Kaessmann du SIB et du Centre intégratif de génomique (UNIL) pour leur poster innovant intitulé «The evolution of alternative splicing patterns and splicing regulatory mechanisms in vertebrates», et qui incluait une application en 3D. Ils ont définitivement ouvert la voie à une toute nouvelle génération de posters!



Barbara Piasecka, Pawel Lichocki et Marc Robinson-Rechavi, du SIB et de l'Université de Lausanne, se sont vu décerner le deuxième prix pour leur poster intitulé «Modular approach uncovers different developmental patterns of evolution on different molecular levels».



Joyeux anniversaire à UniProt!

UniProt célèbre son 10^e anniversaire. Pour marquer cette occasion, près de 150 scientifiques issus du monde entier ont participé le 8 septembre dernier à l'atelier «Bioinformatics Research Infrastructure for the Life Sciences: The First 10 Years of UniProt» au cours de la conférence ECCB'12 à Bâle.



Quelques témoignages:

«Un merveilleux exemple de collaboration entre différents pays et différentes personnes.»

Rolf Apweiler, EBI

«Un grand merci à UniProt, qui nous fournit toutes ces informations fondamentales et fonctionnelles.»

Minoru Kanehisa, Kyoto University, Japan

«UniProt est vraiment une ressource exceptionnelle: disponible, réactive et un lieu de partage d'informations.»

Judith Blake, Mouse Genome informatics, USA

Douze conférenciers de renom ont décrit leurs activités et l'utilisation qu'ils font des bases de données UniProt dans des domaines de recherche tels que les interactions protéine-protéine, la modélisation des protéines, la protéomique ou encore l'analyse et l'annotation de génomes. Parallèlement, 20 posters ont été présentés pour illustrer le rôle indispensable des bases de données de protéines dans les sciences de la vie. Cet événement, qui a remporté un franc succès, a permis de faire le tour de tous les outils et ressources qui s'appuient sur UniProt.

UniProt est une collaboration entre le SIB, l'Institut européen de bioinformatique (EBI) et PIR (Protein Information Resource). Au sein de ces trois instituts, une centaine de personnes sont chargées d'annoter la base de données, de développer des logiciels et de fournir un support. La mission d'UniProt est de mettre à la disposition de la communauté scientifique une ressource de séquences de protéines et d'informations fonctionnelles exhaustive, de grande qualité et accessible gratuitement.

Recherche

e-bioinformaticien: une passerelle indispensable

Les chercheurs en sciences de la vie génèrent une quantité croissante de données, et la tendance n'est pas près de fléchir dans les années à venir. Il leur est de ce fait indispensable de savoir comment stocker ces données de manière efficace et comment analyser leurs résultats de manière rapide et pertinente. Pour les aider, ils peuvent faire appel au SIB, qui leur fournit un support informatique et statistique. Cependant, face à la demande croissante des laboratoires souhaitant engager un bioinformaticien à plein temps pour une intégration plus poussée dans leurs projets, le SIB a

développé un nouveau concept: les bioinformaticiens intégrés (embedded bioinformaticians) également connus sous le nom de «e-bioinformaticiens».

Qu'est-ce qu'un e-bioinformaticien?

Les e-bioinformaticiens ont une double affiliation et jouent un rôle de passerelle entre le SIB et des projets de recherche externes. Ils font partie d'un groupe SIB et sont temporairement rattachés à un projet de recherche spécifique ou à un laboratoire, selon les besoins.

Les e-bioinformaticiens consacrent tout ou partie de leur temps aux projets de recherche d'une institution partenaire tout en travaillant avec un groupe SIB dans le cadre de ces projets. Ils rapportent au responsable du groupe pour les aspects biologiques et expérimentaux, ainsi qu'au directeur de groupe SIB pour tous les aspects bioinformatiques et computationnels.

Ce modèle a déjà été mis en place avec succès en répartissant une trentaine d'e-bioinformaticiens dans des groupes de recherche des universités de Bâle, Berne, Lausanne, Genève, à l'EPFL ainsi qu'au CHUV.

David Gatfield, Centre intégratif de génomique, Université de Lausanne

Dès le moment où il se vit attribuer les fonds pour démarrer son groupe de recherche, David Gatfield sut que ses projets allaient requérir un support bioinformatique considérable. «Je pensais au départ qu'une collaboration avec des groupes disposant de l'expertise computationnelle suffirait», dit le chercheur. Mais il a très vite réalisé que la quantité de données produites par son groupe allait s'avérer problématique et ralentir ses projets. Une année supplémentaire a été nécessaire pour collecter les fonds lui permettant d'engager un bioinformaticien et pour trouver le candidat idéal – un ancien généticien devenu computationnaliste, Bulak Arpat.

«Cette collaboration a de loin surpassé mes attentes», s'enthousiasme Gatfield. Après seulement quatre mois passés au sein de notre groupe, Arpat et ses compétences computationnelles ont fait avancer la plupart de nos projets à pas de géant, notamment ceux nécessitant un séquençage de données à haut débit. Gatfield est ravi de constater qu'il faut de moins en moins de temps pour séquencer, analyser les données puis élaborer de nouvelles hypothèses. De plus, avoir un bioinformaticien à portée de main facilite la communication. «Le fait qu'Arpat ait commencé sa carrière en tant que biologiste expérimental est un atout. Son approche analytique et quantitative nous sera très utile dans les phases expérimentales de nos projets.»

Bulak Arpat, e-bioinformaticien

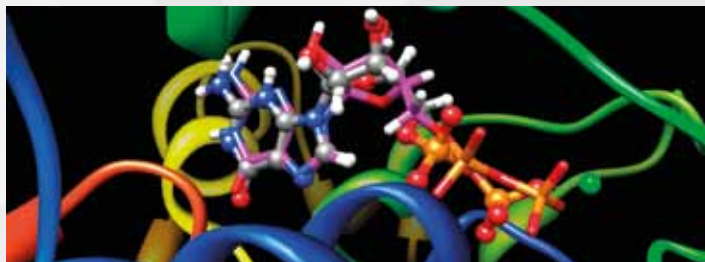
Bulak Arpat met ses compétences computationnelles au service du groupe de recherche de David Gatfield au Centre intégratif de génomique de l'Université de Lausanne. Biologiste et généticien de formation, avec une solide expérience en laboratoire, ce jeune scientifique aime être à la frontière entre sciences de la vie et informatique où il peut échanger ses points de vue avec les deux mondes. «Avoir la possibilité de communiquer avec les biologistes et les bioinformaticiens est un atout», dit Bulak. Il aime également être immergé dans un domaine de recherche spécialisé car cela lui permet de bien mieux se familiariser avec les sujets de recherche.

Bien que Bulak ne soit dans le groupe de Gatfield que depuis peu de temps, la collaboration porte déjà ses fruits. Il apprécie le contact avec des scientifiques de tous horizons, les échanges liés aux différents projets de collaboration, et plus particulièrement ses interactions avec les expérimentalistes car elles sont très utiles pour la mise en place, l'analyse et l'interprétation des expériences. Il collabore aussi avec des bioinformaticiens et statisticiens avec lesquels il peaufine les aspects techniques. «Les collaborations me permettent en outre d'approfondir mes connaissances non bioinformatiques, ce qui est formidable», conclut Bulak.

Success story

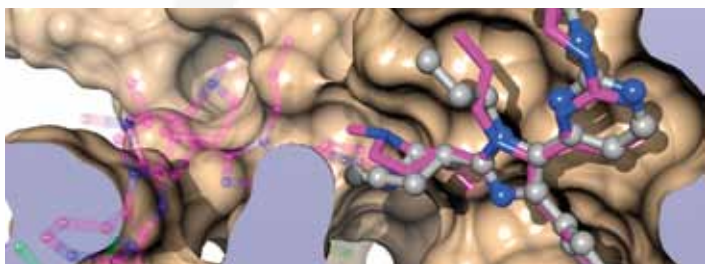
SwissDock: outil essentiel à la conception de médicaments

Olivier Michielin et son équipe du Groupe Molecular Modelling à Lausanne développent des outils de modélisation moléculaire – et notamment EADock, qui s'est révélé particulièrement efficace pour la conception de remèdes contre le cancer. Agé de seulement 2 ans, SwissDock – l'interface internet de EADock – est déjà utilisé par les scientifiques du monde entier.



«La modélisation en 3D est fascinante car elle permet de relier les domaines basiques de la science, tels que la chimie et la physique, aux sciences de la vie – les sciences médicales tout particulièrement», explique Olivier Michielin. Le chercheur et son équipe – Aurélien Grosdidier, Vincent Zoete et Ute Röhrig – développent un outil de *docking* connu sous le nom d'EADock, pour la conception de petites molécules d'inhibition. Le groupe s'intéresse au cancer depuis le début des recherches menées par Olivier Michielin. «Ce n'est cependant qu'au cours des dix dernières années que la bioinformatique et la recherche oncogénique se sont rapprochées», souligne-t-il.

Le groupe travaille depuis cinq ans sur l'inhibition d'une enzyme clé qui masque les tumeurs dans le système immunitaire, et «EaDock ainsi que les connaissances de Ute Röhrig et Vincent Zoete se sont avérés très efficaces dans ce domaine», ajoute Michielin. L'équipe a conçu des molécules qui inhibent cette cible à des concentrations nanomolaires. «Les composants ont été validés sur les souris et nous espérons pouvoir démarrer les tests cliniques au CHUV d'ici à deux ans.»



Pour mettre EADock à la portée de la communauté scientifique, l'équipe de chercheurs développe en parallèle un service internet appelé SwissDock. L'idée est de rendre la conception de médicaments facilement accessible au plus grand nombre de scientifiques – aux biologistes en particulier. Le feedback des chercheurs et collaborateurs est très positif et permet en outre une amélioration continue de EADock et de SwissDock.

Au cours des douze derniers mois, 23'000 visiteurs se sont connectés à ce dernier et ont visionné 138'900 pages pour un total de 6'000 requêtes! La plupart des visiteurs sont issus d'Europe et d'Inde, suivis par les Etats-Unis. «En ligne depuis deux ans seulement, l'outil est déjà régulièrement cité dans les publications scientifiques traitant de la conception de médicaments», poursuit Michielin. «Compte tenu du temps nécessaire à la réalisation d'un projet de conception de médicament et à sa publication, ces résultats sont excellents!»

«Nous sommes particulièrement satisfaits de la catégorie de scientifiques qui utilisent SwissDock (60% de biologistes). Les scientifiques ont la possibilité de laisser des messages concernant les résultats ou expériences, et nous avons reçu des centaines de commentaires encourageants sur la qualité et la convivialité de notre interface utilisateur. Voilà qui est très satisfaisant et encourageant pour les développements futurs.»

Qu'est-ce que la bioinformatique?

Ces trente dernières années, l'émergence de nouvelles techniques en biologie et les avancées en informatique ont augmenté à la fois la quantité et la complexité des données biologiques. C'est pourquoi les scientifiques doivent maintenant souvent appliquer les technologies de l'information pour résoudre des problèmes biologiques. Cette science est appelée «bioinformatique».

Les biologistes se servent de la bioinformatique pour stocker, traiter et analyser de grandes quantités de données, ceci afin de mieux connaître et de mieux comprendre les processus biologiques. Ces connaissances peuvent à leur tour mener à des découvertes scientifiques permettant d'améliorer la qualité de vie – par exemple, concevoir des traitements médicaux plus efficaces ou améliorer les rendements agricoles.

A propos du SIB www.isb-sib.ch

Le SIB Institut Suisse de Bioinformatique est une fondation académique à but non lucratif et d'utilité publique qui fédère les activités de bioinformatique en Suisse. Sa double mission est, d'une part, d'offrir des ressources bioinformatiques de très haute qualité à la communauté des chercheurs dans le domaine des sciences de la vie au niveau national et international, dans des disciplines telles que la génomique, la protéomique et la biologie des systèmes et, d'autre part, de diriger et de coordonner le domaine de la bioinformatique en Suisse.

L'institut est reconnu dans le monde entier pour son activité de développement de logiciels de pointe et de bases de données soigneusement annotées, dédiés à la recherche dans les sciences de la vie. Le SIB est composé de 38 groupes de recherche et de services de tout premier ordre, réunissant plus de 550 scientifiques bioinformaticiens dans les domaines de la protéomique, la transcriptomique, la génomique, la biologie des systèmes, la bioinformatique des structures, la bioinformatique de l'évolution, la modélisation, l'imagerie, la biophysique et la génétique des populations, répartis entre Bâle, Berne, Fribourg, Genève, Lausanne, Lugano et Zurich. Le savoir-faire du SIB est reconnu au niveau international, et ses infrastructures et ressources en bioinformatique sont utilisées par des chercheurs actifs dans le domaine des sciences de la vie dans le monde entier.

Membres institutionnels:

Ecole polytechnique fédérale de Lausanne (EPFL)
Ecole polytechnique fédérale de Zurich (ETHZ)
Université de Bâle
Université de Berne
Université de Fribourg
Université de Genève
Université de Lausanne
Università della Svizzera italiana, Lugano
Université de Zurich
Ludwig Institute for Cancer Research (LICR)
Friedrich Miescher Institute for Biomedical Research (FMI)
Geneva Bioinformatics (GeneBio) S.A.
Hewlett-Packard

Une liste complète de projets SIB est disponible sur:
www.isb-sib.ch/research/projects.



Swiss Institute of
Bioinformatics

SIB | Swiss Institute of Bioinformatics

Quartier Sorge
Bâtiment Génopode
CH-1015 Lausanne, Suisse
t +41 21 692 40 50 | f +41 21 692 40 55
www.isb-sib.ch

Swiss Bioinformatics est rédigé par la Communication du SIB avec la contribution des membres du SIB. Conception et mise en page: D. Meyer
Correctrice: Samira Payot - www.lepetitcorrecteur.com