

Swiss Institute of
Bioinformatics



Swiss Institute of
Bioinformatics

SIB | Swiss Institute of Bioinformatics
 Quartier Sorge
 Bâtiment Génopode
 CH-1015 Lausanne
 Switzerland
 t +41 21 692 40 50
 f +41 21 692 40 55
 www.isb-sib.ch



Swiss Bioinformatics

SIB Newsletter – Juin 2015

ÉDITORIAL

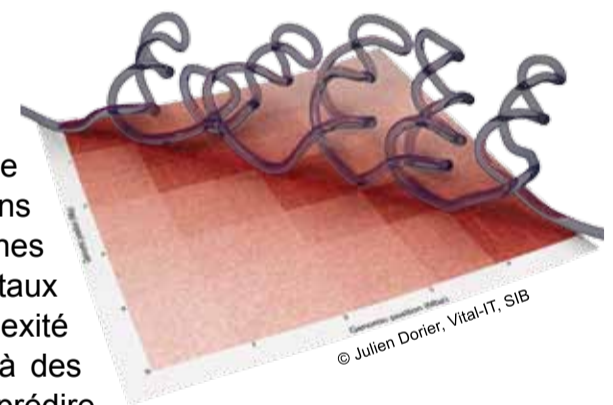
LA BIOINFORMATIQUE MULTIDIMENSIONNELLE

Ce numéro de *Swiss Bioinformatics* est dédié à la bioinformatique multidimensionnelle, un champ d'étude fascinant qui évolue rapidement. Lorsqu'on parle de séquences de gènes ou de protéines, nous nous trouvons dans le royaume de la bioinformatique unidimensionnelle, puisque les protéines et les gènes sont des chaînes de petites molécules. Lorsque nous considérons les structures de protéines ou de l'ADN, ou les nano-cristaux qui sont à l'origine des incroyables changements de couleur chez les caméléons, deux dimensions de complexité supplémentaires apparaissent. Et là, nous nous trouvons confrontés à d'autres dimensions encore, et à des questions telles que « Peut-on prédire la manière dont un médicament se lie à sa cible ? » ou « Peut-on prédire l'effet qu'auraient des mutations sur la structure d'une protéine ? ».

Dans ce bulletin, vous découvrirez une bioinformatique qui va bien au-delà de la 3D. En effet, lorsque nous visualisons un cœur qui bat ou une tumeur qui grandit, le temps rajoute une quatrième dimension. En superposant les fonctions biologiques à ces images – la mesure de la consommation de sucre ou de la température, par exemple – nous glissons alors dans une cinquième dimension. Des outils bioinformatiques de pointe permettent l'extraction à haut débit de plus de 400 caractéristiques quantitatives à partir d'images médicales, provenant de la tomodensitométrie ou de l'imagerie par résonance magnétique, fournissant ainsi une description complète des cinq dimensions d'une tumeur cancéreuse, par exemple. La bioinformatique est la science par excellence qui convertit les données de masse (ou « big data ») en connaissance (ou « smart data »); il est alors évident que les flux de données produits par la bioinformatique multidimensionnelle constituent un défi d'importance.

La bioinformatique multidimensionnelle offre cependant d'étonnantes opportunités: de la prédiction des effets thérapeutiques d'une molécule – comme de ses effets secondaires potentiels – à l'évaluation des caractéristiques moléculaires et cellulaires d'une biopsie tumorale. Nous vous souhaitons de belles découvertes!

Ron Appel, Directeur



A PROPOS DU SIB

Le SIB Institut Suisse de Bioinformatique est une fondation académique sans but lucratif et d'utilité publique fédérant les activités dans le domaine de la bioinformatique en Suisse. Sa mission est de fournir ressources et expertise de classe mondiale à la communauté des sciences de la vie, tant au niveau national qu'international. Il a une longue tradition dans le développement de logiciels de pointe et de bases de données annotées avec soin, telles qu'UniProtKB/Swiss-Prot, la source d'informations sur les protéines la plus utilisée au monde. Le SIB assure également de l'enseignement, du support en analyse de données et une recherche en bioinformatique de premier plan.

Le SIB fédère 56 groupes de recherche et de service, soit plus de 650 scientifiques, reconnus internationalement dans les domaines de la génomique, la transcriptomique, la protéomique, l'évolution, la génétique des populations, la biologie des systèmes, la biologie structurale, la biophysique et la bioinformatique clinique. Ces groupes sont répartis dans les cantons suisses de Bâle, Berne, Fribourg, Genève, Vaud, Zurich et du Tessin.

www.isb-sib.ch

A PROPOS DE LA BIOINFORMATIQUE

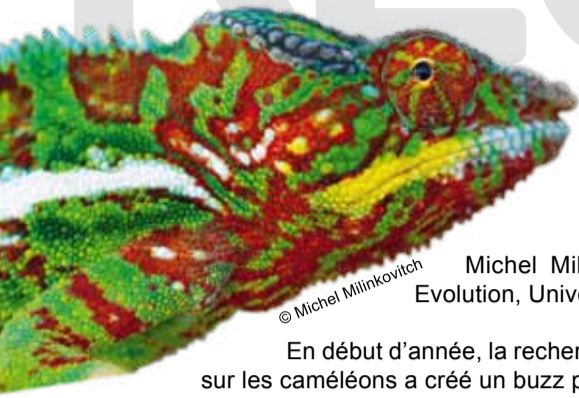
Ces trente dernières années, l'émergence de nouvelles techniques en biologie et en médecine, et les avancées en informatique ont augmenté à la fois la quantité et la complexité des données biologiques. C'est pourquoi les scientifiques doivent maintenant souvent appliquer les technologies de l'information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

Remplacer par:

La bioinformatique est à l'origine d'avancées majeures dans de nombreux domaines touchant au monde médical et aux sciences de la vie. Elle est essentielle pour le stockage, l'analyse et l'interprétation des données de masse produites en laboratoire. Elle permet également la génération, *in silico*, de nouvelles connaissances.



RECHERCHE



COULEUR ET FRAÎCHEUR

Michel Milinkovitch, Laboratory of Artificial and Natural Evolution, Université de Genève

En début d'année, la recherche menée par Michel Milinkovitch et son équipe sur les caméléons a créé un buzz planétaire.

Conscient de l'influence de la composante physique sur les processus biologiques, Michel Milinkovitch emploie à la fois des techniques issues de la biologie et de la physique pour les comprendre. Cette combinaison a mené à des découvertes surprenantes. Avec la collaboration du Quantum Materials Group mené par Dirk van der Marel de l'Université de Genève, le laboratoire du Professeur Milinkovitch a pu démontrer que les caméléons possèdent deux couches superposées d'iridophores. Les iridophores sont des cellules non pigmentaires remplies de nano-cristaux de guanine qui génèrent des couleurs iridescentes.

Des techniques issues de la physique pour comprendre des processus biologiques

Chez les caméléons, les deux couches d'iridophores sont de natures différentes – ce qui est, en soi, une nouveauté évolutionnaire. La première couche d'iridophores est épaisse; elle est localisée près de la surface de la peau du reptile et les nano-cristaux sont arrangés en un réseau triangulaire. La seconde couche est située plus en profondeur dans le derme; les nano-cristaux y sont plus larges et ne sont pas organisés en réseaux.

Les changements de couleur sur la peau du caméléon sont dus à une synchronisation active du réseau au sein de la couche superficielle d'iridophores; tandis que la couche plus profonde réfléchit une large proportion de l'énergie de radiation solaire, particulièrement dans l'infrarouge. Ainsi, les caméléons sont équipés d'un kit étonnant comprenant deux couches d'iridophores qui, chacune, ont un rôle particulier; la première est impliquée dans le camouflage et les interactions sociales, et la deuxième protège l'animal de surchauffe.

Publication :

Teyssier J et al. Photonic crystals cause active colour change in chameleons. *Nat Commun* 2015;6:6368 doi: 10.1038/ncomms7368.

www.isb-sib.ch/groups/geneva/anedc-milinkovitch.html

LA CHROMATINE SUPER-ENROULÉE

Andrzej Stasiak, DNA and Chromosome Modelling Group, Université de Lausanne

Lorsqu'une cellule n'est pas en train de se diviser, elle se prépare pour le faire. Durant cette période du cycle cellulaire – connue sous le nom d'interphase – le noyau est en train de transcrire et de répliquer l'ADN. Pour ceci, les chromosomes de la cellule – dont le nom générique est la chromatine – adoptent une structure qui paraît à la fois lâche et désorganisée, leur donnant l'aspect d'une pelote de ficelle.

Cependant, grâce à une technique de biologie moléculaire à haut débit – la 3C (Chromosome Conformation Capture) – qui permet d'observer la structure des chromosomes de plus près durant l'interphase, on peut voir que leur structure est loin d'être désorganisée. Cette technique se base sur la proximité et la fréquence de contacts qui se font au niveau de la chromatine, et a permis de révéler que la chromatine d'une cellule est parsemée de domaines globulaires, dits topologiques.

Le chaos révèle une structure logique grâce à la modélisation moléculaire

Jusqu'à ce jour, personne ne savait comment ces domaines se formaient ni quelle était la nature de leur structure. Voilà ce que Andrzej Stasiak et son équipe ont cherché à découvrir en concevant un modèle qui prenait en compte deux hypothèses: 1) les bords des domaines topologiques sont attachés à la matrice nucléaire; 2) entre les points d'attachement, les fibres de chromatine sont « super-enroulées » (supercoiled) en raison de la transcription.

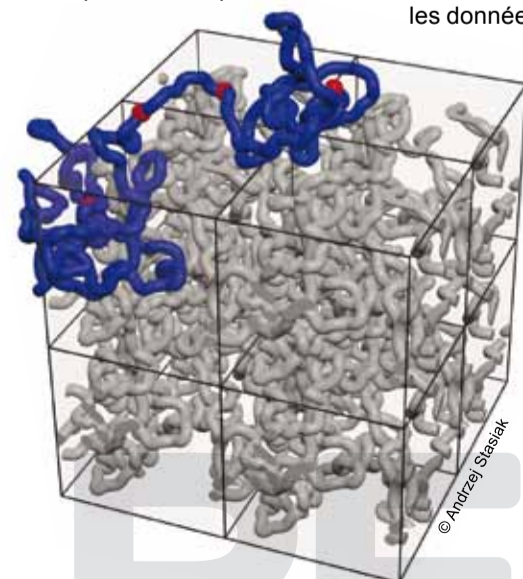
Une fois le modèle de la structure conçu, les chercheurs ont alors travaillé pour comprendre ce que la technique 3C en révélerait. Il s'est trouvé que ce simple modèle a reproduit très fidèlement les données 3C expérimentales obtenues sur des chromosomes réels.

Ainsi leur modèle n'est pas seulement bon, mais il suggère aussi qu'une structure super-enroulée, induite par la transcription, a des chances de persister et peut avoir le rôle d'organiser la structure des chromosomes.

Publication :

Benedetti F et al. Models that include supercoiling of topological domains reproduce several known features of interphase chromosomes. *Nucleic Acids Res* 2014;42:2848-55.

www.isb-sib.ch/groups/lausanne/dcm-stasiak.html



PRÉDIRE LA BIOACTIVITÉ

Olivier Michielin & Vincent Zoete, Molecular Modelling Group, Université de Lausanne

De petites molécules comme, par exemple, les métabolites se lient à leurs protéines cibles – ou toute autre macromolécule – modulant ainsi l'activité de ces dernières. D'où leur nom: molécules bioactives ou, de manière plus générique, ligands. Avec le développement ces dernières années de nouvelles technologies dans les sciences de la vie, les chercheurs ont pu identifier de nombreux ligands ainsi que leurs cibles, ce qui constitue encore la meilleure manière de décrire la bioactivité d'un ligand.

Sur la base de ce constat, on comprend alors pourquoi plus les chercheurs en savent sur les molécules bioactives, plus ils peuvent en faire usage, voire même les modifier – en produisant des ligands faits sur mesure, par exemple – pour qu'ils aient l'effet choisi sur leurs cibles. C'est ici le royaume de la conception de médicaments assistée par ordinateur – ou « drug design » – pour laquelle des logiciels complexes sont développés pour aider les scientifiques à concevoir des médicaments. Ceux-ci pourront ainsi agir sur des macromolécules spécifiques impliquées dans des maladies telles que le cancer ou le SIDA.

SwissTargetPrediction : prédire les interactions entre petites molécules bioactives et protéines cibles

Aujourd'hui, il existe tant de données sur les interactions existantes entre les macromolécules et les petites molécules bioactives qu'elles sont stockées dans des bibliothèques, ou des banques de données. L'équipe d'Olivier Michielin et de Vincent Zoete a utilisé ces bibliothèques d'une nature particulière afin de développer un logiciel capable de prédire les interactions qui pourraient exister entre une petite molécule bioactive identifiée et ses protéines cibles potentielles – ou même celles qui pourraient exister entre un ligand virtuel et des protéines cibles inconnues: SwissTargetPrediction. Leur approche se base sur l'hypothèse suivante: si une petite molécule ressemble à un ligand dont la cible est connue et a déjà été identifiée à la fois au niveau de sa structure chimique et de sa structure 3D, il y a une chance qu'elle se lie à la même cible et présente, donc, la même bioactivité. Un tel outil est évidemment d'une précieuse aide dans l'industrie pharmaceutique: définir la bioactivité potentielle d'un ligand détermine non seulement l'effet positif qu'il peut avoir dans le cadre d'une maladie – ouvrant ainsi la voie au repositionnement d'un médicament – mais aussi l'effet négatif qu'il peut exercer sur un patient, autrement dit ses effets secondaires.

www.isb-sib.ch/groups/lausanne/mmg-michielin.html – www.swisstargetprediction.ch/

UNE CINQUIÈME DIMENSION

Osman Ratib, Groupe affilié au SIB, Image Analysis and Visualization Tools

Osman Ratib est à l'origine d'une plate-forme « open source » de grande renommée pour l'imagerie médicale, connue sous le nom d'OsiriX et basée aux Hôpitaux Universitaires de Genève. Bien que les débuts de l'imagerie médicale à Genève datent des années 1990, ce n'est qu'en 2004 qu'Osman Ratib et le radiologue Antoine Rosset (qui faisait partie de son équipe) ont développé cette plate-forme singulière. Aujourd'hui, celle-ci est employée par des cliniciens du monde entier. Récemment, le projet OsiriX a accepté une collaboration avec le SIB pour le développement d'outils d'analyse clinique afin de permettre l'intégration des données « omics » de masse avec des données d'imagerie.

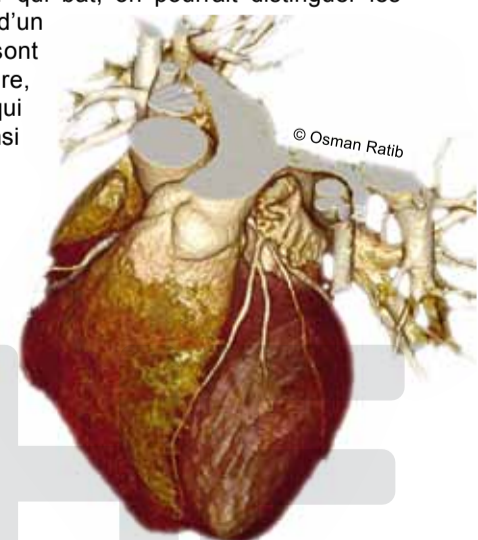
OsiriX met à disposition des professionnels des logiciels capables de visualiser des parties du corps humain en 3D, et ceci jusqu'au niveau moléculaire. Le programme peut générer des images 3D interactives à partir d'images radiologiques de sources différentes. Il peut aussi afficher le comportement dynamique d'organes humains, tels que le cœur, en considérant la composante temporelle – ou ce que l'on appelle la quatrième dimension. Ceci est possible grâce à des techniques avancées de traitement de données et de visualisation, provenant de modalités d'imagerie différentes qui sont employées par les cliniciens.

OsiriX pour visualiser les effets de traitements

Avec de telles techniques d'imagerie, les cliniciens peuvent aujourd'hui non seulement visualiser des tumeurs par exemple, mais aussi suivre leur évolution dans le temps ainsi que leurs fonctions métaboliques et biologiques. Ceci permet aussi d'évaluer, voire même de prédire, l'effet que pourrait avoir un médicament sur un patient. Cette capacité de visualiser les fonctions biologiques d'un tissu vivant est ce que le Professeur Osman Ratib appelle la cinquième dimension.

En guise d'illustration, imaginons des paramètres tels que la température d'un organe ou sa consommation de sucre. Lorsque ces paramètres sont mesurés, ils peuvent être visualisés dans certaines parties du corps humain en appliquant une échelle de couleur spécifique qui représente leur distribution. Sur des images d'un cœur qui bat, on pourrait distinguer les parties dans lesquelles des cellules sont mortes à la suite d'un infarctus du myocarde (en noir, par exemple) de celles qui sont encore saines (en rouge, par exemple). De cette manière, les cliniciens peuvent visualiser l'effet de traitements qui pourraient sauver le tissu encore vivant, et surveiller ainsi l'évolution d'une insuffisance cardiaque.

www.osirix-viewer.com/
foundation.osirixfoundation.com/



RECHERCHE

SCIENCE POUR TOUS

SIB, 3D ET LA VULGARISATION SCIENTIFIQUE

La bioinformatique est au cœur de la conception de médicaments assistée par ordinateur ou « Drug Design ». Le SIB n'est pas seulement un des pionniers en bioinformatique mais il est aussi très actif dans le développement de logiciels qui assistent les chercheurs dans la conception de molécules qui pourraient aider à traiter des maladies telles que le cancer.

En 2014, le SIB a reçu des subsides du Fonds national suisse de la recherche scientifique pour créer un atelier destiné aux étudiants et au grand public sur le thème du Drug Design. Trois groupes du SIB ont offert leur expertise et leur soutien pour la création de cet atelier : le groupe de Formation et sensibilisation du SIB mené par Patricia Palagi, le groupe de Biologie structurale computationnelle à Bâle mené par Torsten Schwede et, en particulier, le Groupe de modélisation moléculaire mené par Olivier Michielin et Vincent Zoete à Lausanne.

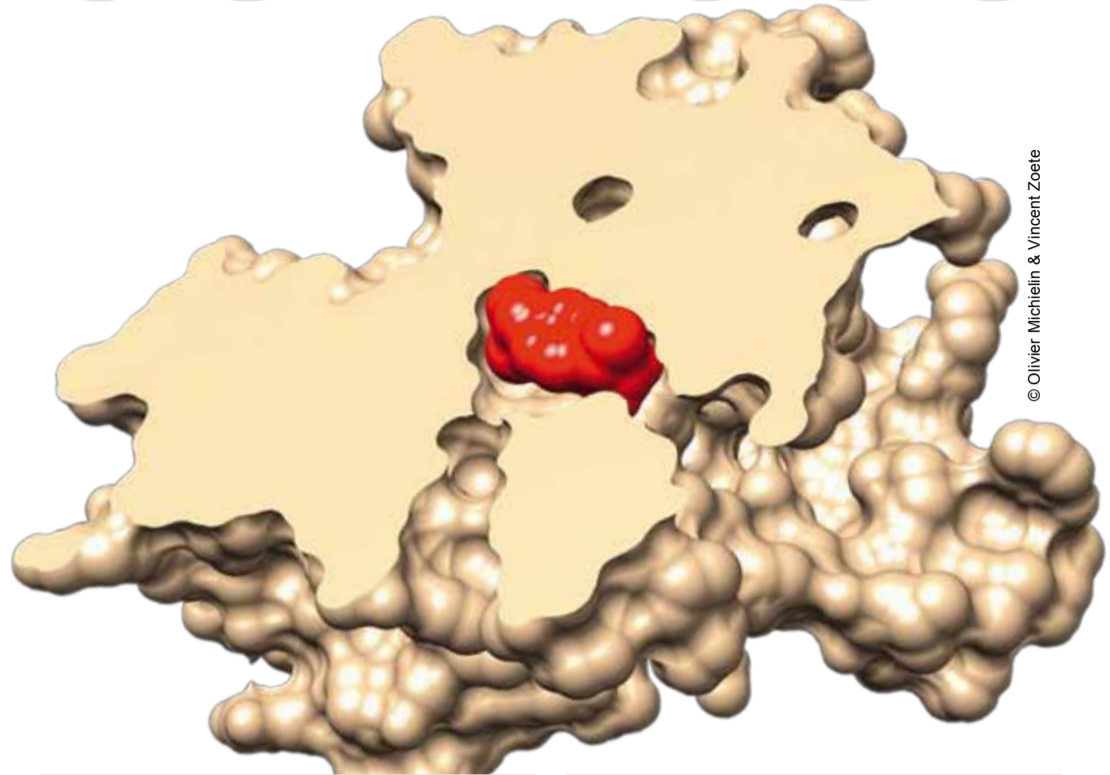
L'atelier commence par un film réalisé par les graphistes du Studio KO et l'équipe de Formation et sensibilisation du SIB. Ce film présente la structure 3D des protéines et le royaume du Drug Design. Quelques notions clés tels que « cibles », « ligands » et « docking » sont expliquées. Les étudiants ou les visiteurs passent ensuite à l'atelier-même où ils apprennent les bases de la conception d'un médicament. Ils peuvent même y découvrir des outils bioinformatiques développés par le SIB, et utilisés par les professionnels, tels que SwissDock, SwissTargetPrediction et SwissADME.



Atelier modélisation moléculaire du SIB: un immense succès

Il y a deux versions de l'atelier. Le premier enseigne comment est conçu un médicament contre le cancer de la peau. Les étudiants peuvent alors créer le leur – et, qui sait, peut-être même avec de meilleures caractéristiques thérapeutiques que celles des médicaments déjà existants! Le deuxième atelier explique comment concevoir un médicament anti-inflammatoire en évitant les effets secondaires gastro-intestinaux. Des impressions 3D de la protéine cible et de six médicaments potentiels ont aussi été faites et sont employées lors de l'atelier, afin que les étudiants puissent « sentir » le concept du « docking ».

Ces deux ateliers remportent un franc succès et se sont déjà déroulés à de nombreuses occasions : lors d'expositions muséographiques, de forums pour l'emploi scientifique, de foires scientifiques, de laboratoires publics, de portes ouvertes, etc.



© Olivier Michielin & Vincent Zoete

Autres sites pédagogiques et de vulgarisation scientifique du SIB

Exposition virtuelle, Chromosome Walk : www.chromosomewalk.ch

Ateliers :

education.expasy.org/bioinformatique/

Magazine online : www.proteinspotlight.org

Les ateliers sont ouverts à tous. Voici le lien pour vous y inscrire :

www.atelier-drug-design.ch

Ils sont aussi mis à la disposition des enseignants pour leurs classes.

Vous pouvez également contacter un membre du SIB qui viendra donner l'atelier : info@atelier-drug-design.ch

BRÈVES

ELIXIR, LA SUITE

ELIXIR crée une autoroute pour l'information biologique sur le plan européen, intégrant les données provenant de la recherche européenne et fournissant des services accessibles à tous. L'infrastructure soutient ainsi la recherche dans les sciences de la vie, et sa transposition vers la médecine, l'agriculture, la bio-industrie et la société. Le SIB constitue à la fois le nœud suisse d'ELIXIR et le nœud national le plus important.

ELIXIR vient de se voir octroyer des fonds européens pour deux projets majeurs. Dans le contexte du projet CORBEL, ELIXIR coordonnera un fonds de €14.5 millions sur quatre ans afin d'établir et de soutenir un nouveau modèle pour la recherche biologique et médicale en Europe, en harmonisant l'accès utilisateur aux ressources, en unifiant la gestion des données et en créant des services éthiques et légaux communs. D'autre part, le projet ELIXIR-EXCELERATE, doté d'un fonds de €19 millions sur quatre ans, a pour but de construire une infrastructure bioinformatique adéquate dans les pays qui en ont besoin, de développer les services techniques pour la communauté européenne des sciences de la vie, et de jeter les bases pour la durabilité des ressources clés. Le SIB est activement impliqué dans le projet ELIXIR-EXCELERATE, se focalisant sur la promotion de l'excellence dans le développement et l'opération des bases de données, la durabilité des ressources clés, ainsi que la formation en bioinformatique.

SIB activement impliqué dans un projet qui vise à construire une infrastructure bioinformatique à l'échelle européenne

Le SIB a accueilli la dernière réunion du Conseil ELIXIR à Genève les 13 et 14 avril derniers. Pour l'occasion, le jet d'eau du Lac Léman a été coloré en orange-ELIXIR. La réunion du conseil d'ELIXIR a rassemblé des représentants de l'EMBL (European Molecular Biology Laboratory) et des 11 pays membres d'ELIXIR, ainsi que quatre représentants des pays observateurs d'ELIXIR et des invités de plusieurs pays en voie d'affiliation – ce qui fait un total de 23 pays représentés lors de la réunion.

www.elixir-europe.org/about/elixir-switzerland



SIB DESIGNÉ CENTRE DE RÉFÉRENCE DE LA FAO POUR LA BIOINFORMATIQUE

Début 2015, l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO) a nommé le SIB « Centre de référence pour la bioinformatique ». La sécurité alimentaire pour tous est au cœur de la lutte de la FAO contre la faim et la pauvreté. La collaboration du SIB avec la FAO se porte sur le dépistage, la surveillance et le suivi des zoonoses (maladies infectieuses chez l'animal pouvant être transmises à l'homme, telles que la grippe aviaire) ainsi que sur les maladies animales (telles que la fièvre aphteuse).

L'expertise du SIB, couplée à l'excellence de ses services scientifiques, ont été des facteurs déterminants dans le choix de l'Institut. Les outils bioinformatiques développés par le SIB en partenariat avec la FAO ont permis d'améliorer le système de détection précoce et d'alerte rapide, en combinant les informations épidémiologiques et génétiques relatives aux zoonoses, ainsi que des analyses et des modélisations des risques d'émergence et de dispersion de pathogènes.

L'expertise du SIB ainsi que ses services de pointe ont mené au choix de l'Institut par la FAO

De plus, le SIB met à disposition des bases de données ouvertes au public, telles que Viralzone, OpenFlu et OpenFMD. Ces bases de données fournissent de l'information sur le génome de ces pathogènes, leur épidémiologie, leur évolution et leurs liens de parenté. Ces ressources aideront la FAO à relever les nombreux défis futurs en matière de gestion, de partage et d'analyse de données épidémiogénétiques.

LE PRIX LEENAARDS 2015 GAGNÉ PAR DEUX CHEFS DE GROUPES DU SIB

Jacques Fellay qui mène le groupe de Host-Pathogen Genomics à Lausanne et Evgeny Zdobnov à la tête du groupe de Computational Evolutionary Genomics à Genève dirigent l'un des deux projets primés cette année par le Prix Leenaards pour la recherche en médecine translationnelle.

Les génomes viraux reflètent par symétrie les mécanismes de défense humaine contre les infections virales. La recherche menée par Fellay et Zdobnov étudie l'impact que les variations du génome humain ont sur les génomes de virus – notamment le VIH, Epstein-Barr et CMV. Une telle approche combinée leur permet de détecter l'empreinte des facteurs génétiques humains sur les mutations accumulées par les virus, et comment ces variations influencent la sévérité d'une infection.

Chefs de groupe du SIB primés pour leur recherche sur le génome humain et ses effets sur les génomes des virus

L'étude concomitante des génomes des patients et ceux des virus constitue une approche singulière et innovante, rendue possible par une génomique et une bioinformatique de pointe, mais aussi par des avancées technologiques dans les sciences de la vie et la diminution drastique de leur coût ces dernières années. La découverte des parties du génome humain qui jouent un rôle clé dans notre défense contre les virus permettra l'élaboration de nouvelles stratégies diagnostiques et thérapeutiques.



© Gilles Weber, CHUV

NOUVEAUX MEMBRES

Andrzej Stasiak

DNA and Chromosome Modelling Group, University of Lausanne



Andrzej Stasiak mène une équipe qui développe des simulations numériques pour comprendre comment s'organisent les chromosomes de la levure et des eucaryotes supérieurs, tels que les êtres humains. Le groupe s'intéresse plus particulièrement à la structure et à l'organisation des chromosomes durant l'interphase – la phase du cycle cellulaire la plus longue durant lequel les gènes sont exprimés avant que la cellule se divise.

En 2012, grâce à une technique connue sous le nom de « 3C haute résolution » (Chromosome Conformation Capture), des scientifiques ont pu découvrir que les chromosomes des eucaryotes supérieurs sont composés de blocs séquentiels – ou domaines topologiques. Cependant, on ne sait toujours pas comment des fibres chromatiques s'arrangent en blocs, et quel mécanisme est responsable de leur formation.

Inspirée par le fait que les chromosomes bactériens se composent de domaines topologiques super-enroulés (supercoiled), l'équipe a effectué des simulations de dynamique brownienne qui ont révélé que le super-enroulement induit par la transcription – c'est-à-dire qui a lieu lors de la transcription de l'ADN en ARN – suffit à expliquer la formation de domaines topologiques ainsi que toute autre propriété qui leur est connue.

www.isb-sib.ch/groups/lausanne/dcm-stasiak.html

Maria

Anisimova

Applied Computational Genomics Team, Zurich University of Applied Sciences, Wädenswil



Maria Anisimova mène une équipe qui met l'accent sur les aspects computationnels et théoriques de la modélisation de l'évolution et de l'adaptation d'un génome. Non seulement les données génomiques croissent continuellement mais elles deviennent de plus en plus complexes. Pour répondre à cette croissance et à cette complexité, l'équipe développe des solutions computationnelles dont le but est d'être précis, évolutif et pratique, afin que des scientifiques très divers puissent les utiliser dans l'analyse de l'évolution et des schémas de sélection dans le domaine des données génomiques de masse.

Le groupe développe des applications bioinformatiques pour des problèmes concrets dans les domaines de la biotechnologie, de la médecine, de l'écologie et de l'agriculture, convaincu que les analyses évolutives des pressions sélectives de données génomiques ont un grand potentiel d'application. En effet, la sélection naturelle pilote la conservation d'une fonction ainsi que l'adaptation à des pathogènes émergents. Elle guide aussi l'adaptation à de nouveaux environnements, et joue un rôle clé dans les systèmes immunitaires et de résistance.

www.isb-sib.ch/groups/wadenswil/acgt-anisimova.html

David Gfeller

Computational Cancer Biology Group, Ludwig Centre for Cancer Research, UNIL, Epalinges



De récents développements en immunothérapie révolutionnent les traitements du cancer. À cet égard, David Gfeller et son équipe développent des outils computationnels s'inspirant de la statistique, du machine learning et de la modélisation pour comprendre les propriétés fondamentales des tumeurs.

Toute tumeur est caractérisée par des changements sur le plan génétique et épigénétique. Bien que ces changements soient la plupart du temps au détriment des patients, ils permettent de distinguer les cellules cancéreuses des cellules saines. Le système immunitaire ne détecte qu'une fraction des protéines qui sont spécifiquement exprimées ou mutées dans les cellules cancéreuses. La raison est la suivante: le système immunitaire ne peut détecter que les protéines – ou les antigènes – localisées sur la membrane de la cellule. Il s'agit là d'un processus fortement régulé dans les cellules.

L'équipe de David Gfeller développe des outils computationnels qui peuvent déterminer comment les tumeurs sont reconnues par le système immunitaire et prédire quels antigènes sont les plus susceptibles de provoquer une réponse immunitaire. De tels antigènes – accompagnés de médicaments immuno-thérapeutiques – pourraient être employés pour rediriger le système immunitaire contre des cellules cancéreuses.

www.isb-sib.ch/groups/lausanne/ccb-gfeller.html

Ivo Kwee

Bioinformatics Core Unit, Institute of Oncology Research (IOR), Bellinzona



Ivo Kwee mène une équipe dont la recherche se focalise sur la bioinformatique du cancer. Son unité soutient des groupes de recherche au sein de l'IOR, et offre des services statistiques et computationnels pour le profilage génomique, l'analyse de séquence, la génomique fonctionnelle, la pharmacogénomique et le soutien d'études cliniques.

Un cancer n'est jamais dû au dérèglement d'un seul gène mais il est le résultat d'interactions complexes entre de nombreux gènes. C'est pourquoi il est important d'aller au-delà de la statistique d'un seul gène et de considérer des groupes de gènes et leurs réseaux d'interaction.

Dans ce contexte, l'équipe d'Ivo Kwee développe actuellement un algorithme connu sous le nom de Prize Collecting Steiner Tree (PCST). Cet algorithme décèle des réseaux secondaires, localement corrélés, se trouvant au sein d'un réseau génétique plus grand, et qui pourraient être à l'origine de processus biologiques menant à un cancer. Il s'agit typiquement de voisinages où il y a une concentration d'aberrations génétiques, ce qui indique une source possible pour le développement d'une maladie. Le groupe a aussi l'intention d'intégrer des données de natures différentes telles que le nombre de copies d'un gène, la méthylation et l'expression au sein d'un seul réseau.

www.isb-sib.ch/groups/bellinzona/bcu-kwee.html

BRÈVES

FORUM ELIXIR/SIB DE L'INNOVATION ET DES PME – 9 JUIN 2015 À BÂLE

Le Forum ELIXIR/SIB de l'innovation et des PME « L'innovation fondée sur les données dans l'industrie pharmaceutique et biotechnologique » se tiendra à Bâle le 9 juin 2015 dans le cadre du [BC]² Basel Computational Biology Conference.

L'événement, se déroulant sur une journée, est adressé aux compagnies pharmaceutiques et biotechnologiques qui emploient les ressources bioinformatiques publiques dans le cadre de leur entreprise. Il est particulièrement pertinent pour les petites et grandes entreprises qui s'intéressent :

- à l'emploi d'outils libre d'accès, de ressources et de services disponibles par le biais du SIB et de leurs partenaires ELIXIR,
- aux récits d'exemples à succès de compagnies qui ont intégré avec succès les données de masse au sein de leur entreprise
- au réseautage et à l'élaboration de collaborations avec d'autres entreprises et partenaires ELIXIR.

Les entreprises pharmaceutiques et biotechnologiques sont invitées à participer à cet événement et à découvrir comment les ressources bioinformatiques peuvent soutenir leur recherche et leurs projets de développement.

Venez nous rejoindre le 9 juin 2015 au centre de congrès de Bâle.

Plus d'information et inscription ici : www.bc2.ch/2015/elixir/

SIB PROFILE 2015, NOUVEAU

L'année dernière, le SIB a décidé de combiner le rapport annuel et la brochure institutionnelle, et le premier SIB Profile a été publié au printemps 2014. Cette année, le SIB Profile 2015 est revisité, tant du côté du contenu que de la mise en page.

L'ouvrage se divise en deux parties. La première s'adresse à un large public et présente le domaine de la bioinformatique ainsi que l'expertise du SIB. La seconde partie décrit brièvement la recherche menée par les différents groupes du SIB et s'adresse à un public plus averti.

Exemplaires online :

www.isb-sib.ch/images/stories/Corporate/sib_profile_2015.pdf

Si vous souhaitez recevoir un exemplaire imprimé, prière d'écrire : communication@isb-sib.ch.

Swiss Bioinformatics est réalisé par le service de Communication du SIB.

Rédaction: Vivienne Baillie Gerritsen et Maren Veranneman

Conception et mise en page: www.valenthiar.ch

Cover: © Julien Dorier, Vital-IT, SIB