



Swiss Institute of
Bioinformatics

COMMUNIQUÉ DE PRESSE

Le Big Data moléculaire: une nouvelle arme pour la médecine – Les experts se réuniront en Suisse en septembre

Lausanne, le 28 août 2019 – Pouvoir visualiser la transmission d'un virus en temps réel lors d'une épidémie ou mieux adapter un traitement contre le cancer sur la base des mutations présentes dans les cellules individuelles d'une tumeur : voilà deux exemples de ce que le Big Data moléculaire peut apporter à la médecine et à la santé. Du 9 au 11 septembre, la conférence [\[BC\]² Basel Computational Biology Conference](#), organisée par le SIB Institut Suisse de Bioinformatique, réunira des scientifiques de Suisse et du monde entier travaillant dans ce domaine, à l'occasion de l'un des événements majeurs de bioinformatique en Europe: une occasion unique de donner la parole aux experts du sujet, de l'oncologie de précision aux maladies infectieuses.

En quoi la biologie computationnelle est-elle essentielle? Les avancées technologiques nous ont fait entrer de plain-pied dans l'ère du génome, avec les données issues du séquençage humain affluant dans les banques de données mondiales à une vitesse exponentielle. Associés à la masse grandissante des dossiers médicaux numériques et des essais cliniques, ces téraoctets de données abritent des informations prometteuses sur les mécanismes biologiques de la santé, du vieillissement et des maladies. Toutefois, sans méthodes de calcul, ressources et solutions de pointe – dont l'apprentissage automatique ou *machine learning* – il est virtuellement impossible d'en extraire des connaissances, et encore moins d'en déduire des applications cliniques. La conférence [BC]² Basel Computational Biology Conference vise précisément à favoriser le transfert de ce savoir-faire parmi les scientifiques.

Une expertise suisse et une portée internationale. La Suisse possède une tradition d'excellence en conservation et analyse de données biologiques grâce au SIB Institut Suisse de Bioinformatique, créé il y a 20 ans. Tous les deux ans, celui-ci organise la conférence [BC]², qui vise cette année à combler le fossé entre Big Data et applications cliniques, par l'intermédiaire d'une série d'ateliers et de sessions plénières détaillant l'état actuel des connaissances. Attirant des intervenants renommés et plus de 300 participants du monde entier, cette conférence est ancrée en Suisse, avec un [comité scientifique](#) exclusivement composé de chefs et cheffes de groupes du SIB, dont les coprésidents Niko Beerwinkel (ETH Zurich) et Erik van Nimwegen (Université de Bâle). «L'application du Big Data en médecine est très prometteuse, mais, dans l'ensemble, ces grandes attentes restent à combler. C'est un vrai privilège que d'être en mesure de rassembler les experts mondiaux en Suisse pour faire le point sur la situation et échanger sur les défis qui nous attendent pour concrétiser ces perspectives», explique van Nimwegen.

De l'oncologie de précision aux maladies infectieuses – parole aux experts. Trois thèmes d'importance émergent des multiples sessions de la conférence:

1) *De l'étude de cellules uniques à l'oncologie de précision:* Les données génomiques issues de cellules uniques (*single-cell*) sont devenues essentielles dans la recherche sur le cancer et l'oncologie de précision, en permettant par exemple de classifier une tumeur selon son stade d'évolution et de déterminer les thérapies appropriées. «Grâce à de nouvelles techniques qui nous permettent d'explorer les tumeurs au niveau de la cellule unique, nous modifions notre approche du cancer: une tumeur est désormais considérée comme un écosystème diversifié au sein du tissu environnant, ce qui ouvre la voie à des traitements plus finement ciblés», explique le chef de groupe au SIB Manfred Claassen (ETH Zurich) qui copréside la session sur les données de cellules uniques;



2) *Du séquençage d'agents pathogènes à la lutte contre les maladies infectieuses*: De nombreuses maladies sont causées par des micro-organismes à mutation rapide et toujours plus pharmacorésistants. Par conséquent, la caractérisation des agents pathogènes au niveau moléculaire et génomique est essentielle pour concevoir des médicaments et des vaccins, ainsi que pour surveiller les foyers d'épidémies. «Des outils tels que [NextStrain](#) jouent déjà un rôle important dans l'analyse et le suivi en temps réel d'épidémies de pathogènes tels que les virus Ebola ou Zika. L'allocation de ressources dans le cadre d'interventions de santé publique s'appuiera de plus en plus sur de tels outils bioinformatiques à l'avenir», précise le chef de groupe au SIB Richard Neher (Université de Bâle) qui copréside la session sur la médecine évolutive;

3) *Analyse du Big Data biologique et méthodes*: Le Big Data issu de la recherche fondamentale provient de sources diverses (p. ex. séquence, expression génétique et données biochimiques). En extraire des informations utiles requiert ainsi des outils et des méthodes adaptés, y compris des algorithmes de *machine learning* spécifiques. «En médecine de précision, les techniques de *machine learning* deviennent essentielles – à la fois pour intégrer la grande variété de données utilisées pour caractériser chaque patient et pour déceler, dans ces données complexes, des tendances cachées. Celles-ci pourront ensuite être utilisées comme biomarqueurs prédisant la sensibilité à une maladie.», détaille Julia Vogt (ETH Zurich), cheffe de groupe au SIB et coprésidente de la session sur l'intégration des données.

En 2019, la conférence [BC]² fera partie intégrante de [BASEL LIFE](#), le plus important congrès de sciences de la vie en Europe, organisé au centre des congrès de Bâle. Cet événement favorisera ainsi les échanges scientifiques entre disciplines computationnelles et expérimentales, ainsi qu'entre acteurs académiques et industriels.

La relève de la bioinformatique à l'honneur avec les SIB Awards

La conférence [BC]² accueillera aussi la cérémonie des [SIB Awards](#), qui récompensera, pour la 10^e fois, l'excellence de deux chercheurs en début de carrière (basés en Suisse ainsi qu'à l'étranger) ainsi que d'une ressource bioinformatique - base de donnée ou logiciel - d'une importance particulière pour la communauté des sciences de la vie. Cette reconnaissance est un véritable tremplin pour les jeunes chercheurs comme pour les outils émergents, ainsi que nous l'ont confirmé d'anciens lauréats dans une [série d'entretiens](#).

[LOGO ET PHOTOS HAUTE DEFINITION](#)

A PROPOS DU SIB

Le [SIB Institut Suisse de Bioinformatique](#) est une organisation académique à but non lucratif dont la mission est de diriger et coordonner le domaine de la bioinformatique en Suisse. Ses experts en science des données s'unissent pour faire avancer la recherche biomédicale et améliorer la santé publique. Le SIB (i) offre à la communauté nationale et internationale des sciences de la vie une infrastructure de pointe en bioinformatique, comprenant ressources, expertise et services ; (ii) fédère les chercheurs de renommée mondiale et propose un programme étendu de formation en bioinformatique. L'Institut rassemble quelque 80 groupes de recherche et de services comptant 800 scientifiques reconnus au niveau international dans les domaines de la génomique, la protéomique, la phylogénie, la biologie des systèmes, la biologie structurale, le *text mining et machine learning* et la santé personnalisée.

CONTACT MÉDIAS

Maïa Berman - Communications Manager - maia.berman@sib.swiss - 021 692 40 54

Marie Dangles - Head of Communications - marie.dangles@sib.swiss - 021 692 40 75