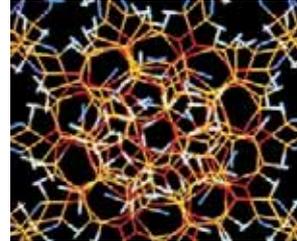


La biotechnologie ouverte

Bilan de la rencontre de deux révolutions

Yann Joly

> La source ouverte est un modèle de développement pour logiciels qui exploite, par l'entremise du réseau Internet, le potentiel de la révision par les pairs et celui de la transparence des processus. L'idée d'importer cette solution du domaine des technologies de l'information où elle a suscité un véritable engouement à celui de la biotechnologie soulève un vif intérêt. Le croisement des innovations considérables qui caractérisent ces champs de connaissance en effervescence semble promis à un brillant avenir. Cependant, les nombreuses différences entre le domaine de la biotechnologie et celui de l'informatique imposent de procéder avec prudence et de façon stratégique pour pouvoir tirer pleinement parti de ce nouveau modèle de développement de logiciels qu'est la source ouverte. <



Faculté de droit-CRDP,
Université de Montréal,
CP 6128, succursale
centre-ville, Montréal
(Québec) H3C 3J7, Canada.
yann.joly@umontreal.ca

ouverte » du domaine de l'informatique, où il a suscité un véritable engouement, à celui de la biotechnologie (*Tableau 1*). La rencontre possible de ces deux « révolutions » a suscité beaucoup d'intérêt au sein du monde universitaire et semble promise à d'éclatants succès. Cependant, les importantes différences structurelles et sociales entre l'informatique et le champ des biotechnologies soulèvent de nombreuses interrogations au sujet du potentiel d'intégration de la solution « source ouverte », c'est pourquoi une évaluation s'impose.

Origine du modèle source ouverte dans le domaine informatique

Le modèle source ouverte, d'abord connu sous le nom de *logiciel libre*, a été introduit dans le domaine de l'informatique par le programmeur Richard Stallman au début des années 1980 [1]. Inspiré à la fois de la culture de science ouverte en application dans le milieu universitaire et des idéologies sociales des *cracks* informatiques¹, ce modèle a permis, grâce aux ressources du réseau Internet, de promouvoir une recherche collaborative et transparente tout en présentant un modèle d'affaires crédible [2, 3]. Le modèle repose en grande partie sur des licences de propriété intellectuelle qui permettent à des tiers de lire, copier et modifier le code source d'un logiciel informatique. Ces licences contiennent souvent une

Les recherches entreprises au cours des trente dernières années dans le domaine de la génétique humaine promettent d'importantes retombées dont pourrait bénéficier le monde de la santé. Pour valoriser les travaux de recherche dans ce secteur, deux considérations majeures devront cependant être prises en compte. Tout d'abord, il sera essentiel que les chercheurs en génétique collaborent entre eux et avec leurs collègues provenant de nombreuses autres disciplines pour valider leurs données de recherche, mieux tirer parti de leurs résultats et éviter de se retrancher dans le champ trop étroit de la génétique. Ensuite, il faudra promouvoir l'accessibilité aux connaissances engendrées par la recherche fondamentale ou appliquée, afin que les découvertes obtenues puissent être rapidement critiquées et améliorées et puissent mieux s'intégrer à la pratique clinique. Ces deux considérations constituent des enjeux particulièrement pertinents dans le contexte actuel de commercialisation de la recherche universitaire puisque la propriété intellectuelle et le secret commercial ne font pas toujours bon ménage avec la liberté académique.

Dans le but d'améliorer la collaboration et la transparence, l'idée est née d'importer le modèle « source

¹ Un *crack* est un petit programme qui permet de débloquent les programmes sans les acheter. Cela permet par exemple de transformer des versions d'essai en versions définitives pleinement fonctionnelles. Ceux qui réalisent ces programmes sont des *crackers*.



Modèle utilisé	Développement	Transfert de la technologie	Exemples
Commercial (traditionnel)	Fermé : utilisation du secret commercial, de la propriété intellectuelle et des accords de transfert de matériel (ATM) pour protéger la propriété du savoir et de l'innovation	Recours aux licences de propriété intellectuelle ou à d'autres types de contrats privés	Celera Genomic HGP DeCODE Genetics Myriad Genetics
Source ouverte	Ouvert : dissémination fréquente, à large échelle, de l'information. Utilisation d'Internet pour promouvoir et coordonner la collaboration des pairs au développement de l'innovation	Utilisation de licences ouvertes ou dépôt dans le domaine public	<i>International HapMap Project</i> <i>Biological Innovation for Open Society</i> (BIOS)

Tableau I. *Biotechnologie ouverte et biotechnologie traditionnelle.*

clause dite « virale » qui oblige les utilisateurs subséquents à rendre le logiciel disponible aux conditions d'accès dont ils ont eux-mêmes bénéficié [4]. Il reste toutefois possible de vendre des logiciels à un prix raisonnable pour en tirer des revenus. Le modèle source ouverte ne permet donc pas d'exploiter commercialement la propriété intellectuelle car une telle activité pourrait avoir pour effet de limiter la collaboration et la dissémination qui sont ses objectifs principaux. Cependant, il offre d'autres incitations, de nature commerciale ou non, pour promouvoir la recherche et les transferts des technologies mises au point.

Le projet source ouverte le plus connu dans le domaine informatique est sans nul doute celui que l'on appelle le noyau central Linux. La convivialité et la qualité de la plate-forme Linux ont contribué à sa grande popularité auprès de ses utilisateurs. Leur nombre a d'ailleurs grimpé à près de 29 millions en une dizaine d'années [5] et, d'ici 2011, il aura produit des revenus qui devraient atteindre 49 milliards de dollars [6].

Les modèles ouverts de collaboration dans le domaine de la génétique

L'apparition de modèles ouverts dans le domaine de la génétique est récente. Au cours de la dernière décennie, des chercheurs généticiens ont commencé à s'inspirer du modèle source ouverte mis en vogue par les *cracks*. Ils se sont ainsi employés à améliorer leur capacité à collaborer à la réalisation de projets scientifiques divers pour le bien public [7].

Les modèles ouverts de collaboration répertoriés dans le domaine des biotechnologies présentent des caractéristiques beaucoup plus hétérogènes que ceux en application dans le milieu informatique. Il faut admettre aussi que la capacité d'intégration et le succès de la source ouverte varient de façon importante en fonction du champ de production visé [8, 9].

Malgré son importance, le champ de production d'un projet de recherche n'est pas le seul indicateur du potentiel d'intégration d'un modèle source ouverte dans le domaine des biotechnologies. Plusieurs autres variables sont aussi des éléments déterminants : l'envergure du projet,

ses objectifs, sa modularité et sa granularité², la disponibilité de la main d'œuvre, l'origine des sources de financement, le type de droit de propriété intellectuelle octroyé et l'importance du financement [9]. De plus, un seul projet de recherche biotechnologique pourra contenir un, plusieurs ou tous les champs de production décrits plus haut. Il sera alors intéressant d'examiner le plan de travail conçu par le gestionnaire du projet afin de voir comment les différentes composantes ouvertes seront intégrées et administrées à un niveau plus global.

La variété d'avantages que pourrait présenter le modèle source ouverte dans le domaine des biotechnologies est trop souvent négligée. Les auteurs préfèrent, à tort, présenter ce modèle uniquement comme une solution miracle permettant de résoudre de potentiels problèmes de blocage imputés aux nombreux brevets génétiques (exemples : problème *d'anti-commun* dans le domaine des biotechnologies, brevets trop étendus, dissimulation des matériaux et des données de recherche, etc.) [10, 11]. Les bénéfices ci-dessous présentent un bref aperçu du vaste potentiel des modèles ouverts pour le domaine des biotechnologies.

Évaluation rapide par les pairs

Dans un projet de recherche classique, le chercheur a tendance à garder secrètes ses données de recherche le plus longtemps possible pour s'assurer une première publication et protéger d'éventuels droits tirés d'un brevet. Il n'est également pas rare de voir les chercheurs retenir certaines données ou refuser de fournir des matériaux afin de protéger leurs futures recherches [12]. *A contrario*, le modèle source ouverte favorise,

² Granularité : en sécurité informatique, propriété d'un objet de données divisé en segments de mémoire afin d'en protéger l'accès.



	Type de projet(s)	Méthode de protection des biens	Coût de production	Perspective d'intégration
Informatique source ouverte				
Logiciel ouvert	Recherche appliquée (logiciels et manuels d'instruction)	- Généralement droit d'auteur - Brevet	Faible	Intégré
Biotechnologie ouverte				
Logiciels bio-informatiques*	Recherche appliquée	- Généralement droit d'auteur - Brevet - Contrat	Faible	Bonne
Publications scientifiques	Communication des résultats de recherche	- Droit d'auteur - Secret commercial	Faible	Bonne
Bases de données génétiques	Surtout : - recherche fondamentale - recherche « translationnelle »	- Droit d'auteur - Contrat - Protection spécifique aux bases de données (droit <i>sui generis</i>)	Moyen/ élevé	Moyenne
Laboratoire réel <i>Wet lab</i>	Surtout : - recherche « translationnelle » - recherche clinique	- Brevet - Secret commercial	Moyen/ élevé	Incertaine

Tableau II. Potentiel d'intégration des modèles ouverts en fonction du champ de production. *Les logiciels bio-informatiques peuvent être considérés à la fois comme des projets d'informatique source ouverte et comme des projets de biotechnologie ouverte.

par l'entremise d'une diffusion continue d'ébauches de projets sur Internet, la transparence et la dissémination rapide des données et des résultats des recherches. Il permet, en utilisant le savoir agrégé de nombreux scientifiques, de découvrir, de critiquer et d'éliminer plus rapidement les erreurs. La réputation des collaborateurs se trouve améliorée à mesure qu'ils contribuent à des évaluations constructives et à des solutions utiles au projet initial [13]. En pratique, cette amélioration peut se manifester par des offres de collaboration formelles ou par des occasions de publier une critique dans un journal scientifique.

À l'écoute du marché

Le mode de production ouvert dans le domaine de la biotechnologie pourrait permettre de créer des biens qui répondent réellement aux besoins de leurs utilisateurs et des compagnies biotechnologiques privées. Contrairement aux modèles plus traditionnels où la direction d'un projet de recherche est généralement déterminée par un petit groupe de chercheurs universitaires éloigné des besoins du marché et travaillant en vase clos, dans un projet ouvert, après l'innovation initiale, ce sont les utilisateurs, eux-mêmes collaborateurs du projet, qui fournissent habituellement les nouvelles idées qui permettront de perfectionner ou de transformer un bien afin que celui-ci devienne réellement utile et réponde au mieux aux attentes du marché [14]. Un tel modèle de développement engendre certains des bénéfices typiques des partenariats publics et privés tout en évitant les effets négatifs de la commercialisation.

Réduire la duplication des recherches

Les licences ouvertes favorisent la transparence et la communication pour permettre un meilleur accès à l'information scientifique. Une telle attitude présente le double avantage de réduire la duplication des efforts de recherche et d'éviter la répétition de certaines erreurs susceptibles d'être dangereuses. Effectivement, les chercheurs seront informés plus rapidement et plus facilement des projets sur lesquels ils travaillent, de leurs réalisations ainsi que de leurs erreurs. Cette perspective fournira à tous une meilleure vision d'ensemble qui sera bénéfique à la coordination des projets [15].

Possibilité de développer un marché pour des biens et services complémentaires

Le modèle source ouverte peut être utilisé pour ouvrir un vaste marché d'utilisateurs pour un bien, voire pour faire de ce bien le standard reconnu dans sa catégorie. Une fois qu'une base d'utilisateurs solide est créée, il est possible de produire des biens et des services complémentaires qui seront, cette fois, protégés et commercialisés de façon traditionnelle et bénéficieront de la popularité de l'invention originale et de la clientèle déjà acquise. Dans une telle situation, l'invention ouverte sert à attirer les clients vers les autres biens

et services de la compagnie. Il devient donc très avantageux pour une compagnie d'utiliser un modèle de développement ouvert si elle s'attend à tirer plus de revenus avec les produits dérivés qu'avec son invention originale [16]. Par exemple, dans le domaine des technologies de l'information, la société multinationale Red Hat, qui est le premier distributeur du logiciel GNU/Linux, tire une grande partie de ses profits de son offre de services d'assistance et de consultation aux nombreux utilisateurs de logiciels source ouverte [17, 18].

Améliorer la réputation et les relations publiques

Les compagnies privées peuvent améliorer leur réputation auprès de leurs clients et accroître leur popularité aux yeux du grand public en contribuant à des projets source ouverte. En effet, en donnant une plus grande visibilité à ses créations, une compagnie peut renforcer sa réputation en matière d'innovation et d'expertise. De plus, en contribuant à la mise au point de certaines technologies par le truchement des projets source ouverte dotés d'objectifs humanitaires, une compagnie fait preuve d'une conscience sociale et d'un altruisme susceptibles de rehausser sa cote de popularité aux yeux du grand public [19]. Le projet Eco-Patent Commons³ dans le domaine environnemental a su intéresser des compagnies privées telles IBM, Nokia, Sony et Pitney Bowes : il prouve donc bien l'intérêt du secteur privé pour de telles initiatives pouvant améliorer l'image publique à un prix relativement modique [20].

Amortir les risques financiers présentés par la recherche génétique

La génétique est un secteur technologique dans lequel les coûts de recherche et de développement sont considérables. La meilleure façon d'arriver à mettre au point un produit commercialisable consiste souvent à partager le fardeau de l'innovation avec d'autres compagnies privées plutôt que de demeurer en concurrence. Cette mesure est d'autant plus judicieuse qu'il est difficile de prédire ou de contrôler la façon dont les affaires vont évoluer dans plusieurs secteurs de la génétique (par exemple : cellules souches, pharmacogénomique, thérapie génique) où la recherche pourrait ne pas produire les résultats escomptés [21, 22].

Une bonne illustration de ce type de coopération est le SNP (*single nucleotide polymorphisms*) Consortium, une fondation à but non lucratif mise sur pied afin de fournir des données génomiques concernant les polymorphismes de nucléotides simples pour la recherche pharmacogénomique, par l'entremise d'une base de données informatique publique. Des géants de l'industrie pharmaceutique (AstraZeneca, Roche et GlaxoSmithKline pour ne citer que ceux-là) ont collaboré à l'élaboration de ce projet ouvert [22].

³ Eco-Patent Commons donne librement accès à une trentaine de brevets visant à résoudre les problèmes environnementaux des entreprises dans les domaines de la réduction des déchets, de l'amélioration du recyclage, de la réduction de la consommation électrique ou de la gestion de l'environnement. Cette initiative est gérée par le *World Business Council for Sustainable Development* (WBCSD), organisation de promotion du développement durable.

Les résultats positifs du SNP Consortium et du projet public qui lui a succédé (HapMap) contrastent avec le parcours controversé de la compagnie privée deCode Genetics qui a tenté d'effectuer des recherches similaires en utilisant un modèle d'affaires traditionnel. En 2007, deCode a dû abandonner son projet de banque de données en Islande par suite d'un jugement de la Cour suprême de ce pays. La compagnie déclarait alors n'avoir jamais tiré de profit de ses recherches et avoir accumulé un déficit supérieur à 530 millions de dollars [23]. De son côté, le projet SNP/HapMap a surpassé ses objectifs initiaux, obtenu un financement supplémentaire permettant sa prolongation par l'ajout de deux volets, et génotypé plus de 5 millions de SNP [24, 25].

Développement plus rationnel et mieux coordonné

Le modèle source ouverte présente une façon efficace de produire des biens qui est fondée sur la coopération et l'échange. Les projets source ouverte utilisent souvent l'Internet comme un forum où il est possible de développer et de partager des nouvelles connaissances tout en capitalisant sur les bénéfices obtenus grâce à la collaboration internationale et à l'échange d'information. Les réactions et les échos concernant le résultat cumulatif des actions individuelles permettent de promouvoir une meilleure coordination et une plus grande cohérence de la performance collective de l'ensemble des chercheurs [13, 16].

Ces avantages sont séduisants, même si, pour certains observateurs, ils demeurent encore assez théoriques. Pour le moment, il est impossible d'effectuer une comparaison des résultats entre les modèles ouverts de collaboration dans le domaine des biotechnologies et les modèles commerciaux traditionnels car les modèles ouverts sont encore trop récents dans ce domaine et n'ont généralement pas encore atteint leurs objectifs. Cependant, l'expérience des modèles de collaboration dans ce domaine, même avec le peu de recul que nous avons, suscite tout de même déjà quelques commentaires : les modèles ouverts de collaboration semblent aujourd'hui offrir plus d'intérêt pour les grands projets génétiques publics et ont du mal à intéresser les petits groupes de recherche ainsi que les compagnies privées. L'usage courant de licences ouvertes généralisables et juridiquement valides reste un des plus grands défis pour les tenants de la biotechnologie ouverte. Devant ces nombreuses incertitudes, le potentiel commercial des modèles ouverts reste encore difficile à jauger.

Conclusion

Le modèle de développement source ouverte a déjà fait ses preuves, notamment dans sa capacité à rivaliser avec d'autres modèles d'affaires dans le secteur de l'informatique. Les nombreux bénéfices inhérents au développement ouvert en font une alternative de choix pour promouvoir une recherche biotechnologique plus collaborative et accessible. Cependant, la jeunesse de la biotechnologie ouverte, le manque de données statistiques et les nombreuses différences entre le domaine des biotechnologies et celui de l'informatique imposent d'utiliser prudemment et de façon planifiée et concertée les modèles ouverts de collaboration afin de pouvoir réellement utiliser le potentiel de la rencontre entre ces deux révolutions. ♦

SUMMARY

Open source biotechnology: synopsis of a meeting of two revolutions

Open source is a development and knowledge transfer model for software that exploits the power of distributed peer review and transparency of process. In recent years, importing the open source model from the field of information technology, where it has met with considerable success, to the field of biotechnology, has been suggested. Integrating open source into the field of biotechnology holds the promise of improving collaboration and transparency in biotechnology research at a time when both elements are urgently needed. However, despite the projected benefits, in-depth analysis shows that the integration and success of the open source model vary across different production fields as well as, among other things, with the scope, the objectives, the modularity and the granularity of a given project. Accordingly, in order to capitalize on the potential of open source, integration of the two fields will have to be well-thought-out and strategic. ♦

REMERCIEMENTS

L'auteur souhaite remercier Maria Braker pour son précieux travail de révision.

CONFLIT D'INTÉRÊTS

L'auteur tient à reconnaître l'apport financier de Génome Québec et Génome Canada dans le cadre du projet GRID.

RÉFÉRENCES

1. Nuvolari A. Open source software development: some historical perspectives. *First Monday* 2005 ; 10 : 10.
2. Raymond ES. *The cathedral and the bazaar: musings on Linux and open source by an accidental revolutionary*. Sebastopol : O'Reilly Media, 2001 : 242 p.
3. Stallman RM. *Free software, free society: selected essays of Richard M. Stallman*. Boston : Free Software Foundation, 2002 : 224 p.
4. Guadamuz A. Viral contracts or unenforceable documents? Contractual validity of copyleft licenses. *EIPR* 2004 ; 26 : 8.
5. Free Standard Group, *The imperative for Linux standards: a recommendation for the future*. San Francisco : Free Standard Group, 2005 : 14 p.
6. Haskins W. Linux ecosystem revenue to near \$50 billion by 2011 (Linux Insider, 04/10/08) <http://www.linuxinsider.com/story/Linux-Ecosystem-Revenue-to-Near-50-Billion-by-2011-62539.html>
7. Feldman RC. The open source biotechnology movement: is it patent misuse? *Minn J L Sci Tech* 2004 ; 6 : 117.
8. Rai AK. Open and collaborative research: a new model for biomedicine. In : Hahn RW, ed. *Intellectual property rights in frontier industries*. Washington DC : AEI-Brookings Press, 2005 : 131-58.
9. Benkler Y. *The wealth of networks: how social production transforms markets and freedom*. New Haven : Yale University Press, 2006 : 528 p.
10. Merges RP. Colloquium: a new dynamism in the public domain. *U Chi L Rev* 2004 ; 71 : 183.
11. Nicol D, Hope JE. Cooperative strategies for facilitating use of patented inventions in biotechnology. *Law Context* 2006 ; 24 : 1.
12. Science Commons. *Empirical data about materials transfer problems*. Cambridge : Science Commons, 2008 (en ligne). <http://sciencecommons.org/projects/licensing/empirical-data-about-materials-transfer/>.
13. Lee GK, Cole RE. From a firm based to a community-based model of knowledge creation: the case of the Linux Kernel development. *Org Sci* 2003 ; 14 : 633.
14. Niman NB, Kench BT. Open source in the pharmaceutical industry. *Proc Mw Bus Econ Ass'n* 2003 ; 124.
15. Dalle JM, David PM. *The allocation of software development resources in open source production mode*. Stanford: The Stanford Institute for Economic and Policy Research, 2003 : 40 p.
16. Lerner J, Tirole J. The economics of technology sharing: open source and beyond. *J Econ Persp* 2005 ; 19 : 99.
17. Von Hippel E. Horizontal innovation networks by and for users. Advance access published online on May 16, 2007, *Industrial and Corporate Change* 10.
18. Lerner J, Tirole J. *The simple economics of open source*. Cambridge : National Bureau of Economic Research, 2000 : 26.
19. Hope J. Open source biotechnology: a new way to manage scientific intellectual property. *GeneWatch* 2005 ; 18 : 1.
20. Eco-Patent Commons, *Eco-patent commons brochure 2008* en ligne : http://sustainable-finance.org/DocRoot/4tF7aXklt0vZODBJobYY/Eco-Patent%20Commons%20Brochure_011008.pdf
21. Eisenberg RS. Will pharmacogenomics alter the role of patents in drug development? *Pharmacogenomics* 2002 ; 3 : 571.
22. Thorisson GA, Stein LD. The SNP consortium website: past, present and future. *Nucleic Acids Res* 2003 ; 31 : 1.
23. deCode genetics, Inc. *Annual report pursuant to section 13 or 15(d) of the securities exchange act of 1934 (2007)* en ligne : http://www.sec.gov/Archives/edgar/data/1022974/000110465907019321/a07-5795_110k.htm
24. NIH News, *International HapMap Widens Data Access 2004* en ligne : <http://www.nih.gov/news/pr/dec2004/nhgri-10.htm>
25. Thorisson GA, Smith AV, Krishnan L, Stein LD. The international HapMap project web site. *Genome Res* 2005 ; 15 : 1592.

TIRÉS À PART

Y. Joly



Tarifs d'abonnement M/S - 2009

**Abonnez-vous
à Médecine/Sciences**

> Grâce à m/s, vous vivez en direct
les progrès des sciences biologiques
et médicales

**Bulletin d'abonnement
page 902 dans ce numéro de m/s**



Ateliers de formation 2010

Renseignements et inscriptions :
Ateliers de formation Inserm
101, rue de Tolbiac
75654 Paris Cedex 13
Tél. : 33 (0)1 44 23 62 04 – Fax : 33 (0)1 44 23 62 93
ateliers@inserm.fr
www.rh.inserm.fr



Inserm

Institut national
de la santé et de la recherche médicale

■ Atelier de formation n° 203

Interactomique : à la croisée des chemins entre biologie et bioinformatique

Organisateurs : Christine Brun (TAGC, Marseille), Jérôme Reboul (IPC, Marseille), Nicolas Thierry-Mieg (TIMC-IMAG, Grenoble).

Phase I • Le point sur...

30 mars-1^{er} avril 2010 • Saint-Raphaël

Objectifs • Les protéines agissent rarement seules mais interagissent avec d'autres macromolécules afin d'assurer leurs fonctions. Ainsi, les interactions protéine-protéine jouent un rôle essentiel dans la plupart des processus biologiques. Des approches systématiques d'identification ont été développées depuis quelques années, notamment cribles double-hybride (Y2H) ou purification de complexes protéiques suivie d'identification par spectrométrie de masse (AP-MS). Celles-ci ont permis d'établir des réseaux complexes d'interactions entre protéines pour divers organismes modèles. Le déchiffrement de ces réseaux et leur étude sont en train de modifier notre perception des mécanismes gouvernant le fonctionnement de la cellule en fournissant une vision intégrée des processus biologiques. Cependant, leur complexité les rend difficiles à appréhender et à utiliser par le biologiste expérimental. Les principales difficultés rencontrées sont classiquement d'ordre méthodologique et technique (exemple : connaissance et manipulation des outils bioinformatiques) mais sont également et surtout dues à la modification de raisonnement et à la reformulation des questions biologiques que nécessite l'approche systémique.

Les réseaux d'interactions protéine-protéine constituant une source d'information biologique très riche et sous-exploitée, nous cherchons au cours de cet atelier à présenter aux biologistes expérimentaux les principaux enjeux de l'étude des interactomes. En effet, une meilleure connaissance des démarches, des interrogations et des solutions apportées par les groupes participant à la cartographie et à l'analyse des interactomes devrait faciliter l'utilisation de la ressource.

Public • Chercheurs, médecins, postdocs, techniciens, ingénieurs, et étudiants intéressés par l'approche interactome et l'analyse des données existantes au profit de leur propre sujet de recherche.

Les conférences seront données en anglais.

Nombre maximum de participants : 80

Programme • 1. Méthodes d'identification d'interaction protéine-protéine à grande échelle, validation des données obtenues, estimation de la qualité des données.
2. Bases de données d'interactions : provenance des données, standards, soumission directe.
3. Analyse topologique et fonctionnelle des réseaux protéine-protéine : méthodes et outils bioinformatiques.
4. Application à des questions biologiques : gènes candidats, signalisation, relation hôte-pathogène, développement, évolution.

Phase II • Maîtrise technique

Mai 2010 • Marseille

Programme • Au cours de la phase pratique, les participants apprendront à utiliser les outils bioinformatiques existants pour extraire des informations fonctionnelles à partir des données de protéomique (principalement interactions moléculaires) publiquement disponibles. Cette phase pratique s'adressera conjointement à deux sous-groupes de participants, selon le niveau initial en informatique. Les uns travailleront directement sur internet avec les outils disponibles en ligne, tandis que les autres téléchargeront divers jeux de données publiques puis les analyseront sur une station de travail locale. Cette seconde approche apporte plus de souplesse, mais nécessite une familiarité préalable avec l'environnement de travail GNU/Linux.

Spécifiquement, les participants apprendront de manière pratique à :

- explorer et/ou construire le réseau des interactions protéine-protéine connues au voisinage de leur protéine préférée (ou impliquées dans un processus donné, ou...);
- visualiser et analyser ce réseau.

L'objectif final est de permettre aux participants d'étudier leurs propres résultats expérimentaux à la lumière des interactions biomoléculaires déjà connues.

Sélection • Jusqu'à 15 participants sélectionnés parmi les participants de la phase I.

Date limite d'inscription : 29 janvier 2010