

Het laatste decennium werden honderden genomen volledig in sequentie gebracht. Daar zullen er in de eerstvolgende jaren een veelvoud bijkomen. Maar nu reeds zijn er aanzienlijk meer gegevens beschikbaar dan te verwerken valt door gespecialiseerde onderzoekers en hun computerparken. Het vraagstuk wordt nog complexer nu de 'postgenomische' wetenschap zich beweegt van de genomica (distilleren en ontcijferen van alle genen uit een genoom) naar de corresponderende proteomica (ontrafelen van structuur en functie van de eruit vertaalde eiwitten). Met behulp van informatica, (bio)statistiek, data mining, toegepaste wiskunde en (bio)chemie tracht de bioinformatica (moleculair-)biologische problemen op te lossen. Geboren uit het huwelijk tussen informatietechnologie en moleculaire biotechnologie, mag bioinformatica vandaag terecht worden beschouwd als een nieuwe, multidisciplinaire en dus veeleisende wetenschapstak in volle ontwikkeling^[1].

Tom T.M. Vandekerckhove, Sofie Bekaert, Bert Coessens, Bart De Moor, Yves Moreau, Wim Van Criekinge



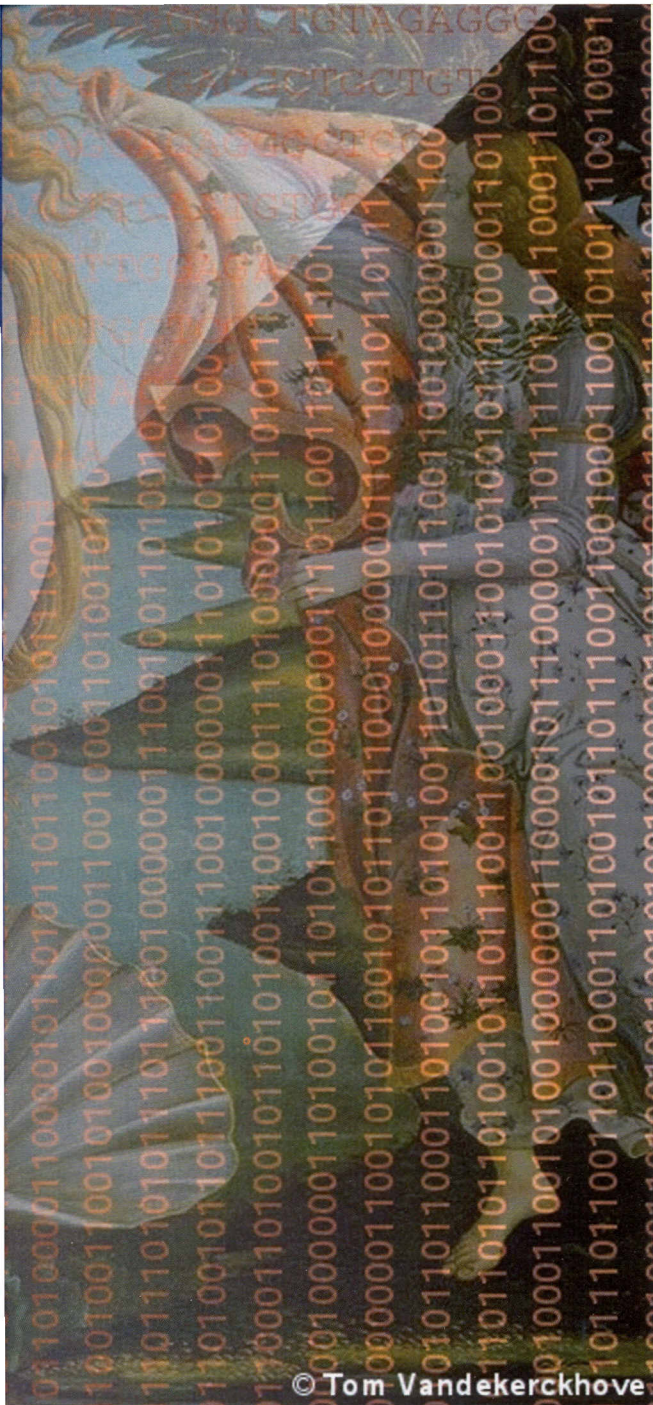
Bioinformatica: een nieuwe

De term 'bioinformatica' kruisrefereert naar trefwoorden zoals biostatistiek, bio(techno)logie, biochemie, genetica, en – niet te vergeten – de zogenaamde '-omica' begrippen: genomica, proteomica, peptidomica, metabolomica,... Deze woorden vinden allen hun etymologische oorsprong in het Grieks, waar het '-oma' suffix aangeeft dat het om een onzijdige, geheelomvattende entiteit gaat: het genoom is het geheel van alle genen, het metaboloom de verzameling van alle metabolieten, het oncomethyloom de groep van genen die kankerontwikkeling kunnen induceren bij een veranderde methylatietoestand, enzovoort.

Er bestaat kennelijk een netwerk van biodisciplines die routinematig afhangen van rekenintensieve computers die aan zeer 'bio'-specifieke eisen dienen te voldoen, waardoor het 'bio'-prefix spontaan aan de informatica smolt.

Het is immers ook dikwijls de biosector zelf die optreedt als programmeur van bioinformaticatoepassingen. Bioinformatica is, zoals verderop zal blijken, een intrinsiek MULTIdisciplinair wetenschapsdomein, waaronder we de integratie van verschillende disciplines in één persoon verstaan. De noodzaak aan interactie en communicatie tussen verschillende disciplines geeft bio-informatica ook een duidelijk INTERdisciplinair karakter.

Hiermee is het potentieel van bioinformatica als bindmiddel voor netwerking verklaard. Anderzijds voelen biotechnologiebedrijven vaak reserves tegenover een al te naïeve openbaring van confidentiële informatie die nauw aansluit bij de core business van een bedrijf. Er heerst met andere woorden nogal wat vrees voor outsourcing, vrees ook voor open innovatie (bidirectionele uitwisseling van ideeën, expertise en licenties tussen het bedrijfsleven en de onder-



© Tom Vandekerckhove

wetenschap?

zoekswereld). Om daaraan te ontkomen, kiezen toonaangevende bedrijven vaak voor een interne biostatistiek/bioinformatica-afdeling, en wordt interdisciplinariteit *extra muros* vervangen door multidisciplinariteit *intra muros*, met uiteraard ruimte voor mengvormen van de twee.

Regelmatig kiest de aspirant-bioinformaticus zelf trouwens voor het zich eigen maken van de specialismen van de partnerdiscipline(s), waardoor het beroep van de bioinformaticus in de praktijk integratief multidisciplinair van aard wordt. De integratie van biowetenschappen met informatietechnologie is inderdaad een veel meer grensverleggend fenomeen dan bijvoorbeeld het huwelijk tussen biologie en genetica, waarvoor er in alle onderwijsinstellingen een erg solide, gemeenschappelijke basis werd uitgetekend. Decennialang worden de levenswetenschappen bovendien zonder discussie universeel aanvaard als zijnde onderling uit-

gesproken multidisciplinair. Intuïtief voelt men gemakkelijk aan dat voor diegenen die opteren om er een relatief weinig overlappende studie bij te nemen om uiteindelijk volwaardig bioinformaticus te worden, multidisciplinariteit een *conditio sine qua non* is. Dit betekent onder andere dat de kennis- en inzichtelijke vereisten in de bioinformatica inherent hoog liggen, en dat is op zijn beurt vaak een beperking voor vele hedendaagse geleerden bij het stellen, toetsen en bespreken van hun hypothesen in een ruimer kader.

Helemaal niet onterecht durven we een pleidooi houden voor de terugkeer vanuit overspecialisme (wetenschappers als 'educated idiots') naar de herwaardering van de spitsvondige 'omniwetenschapper': de *Homo Universalis* uit de Renaissance, zoals een Leonardo Da Vinci, met een liefdevolle knipoo naar de Oude Grieken, zoals een Socrates of een Aristoteles of een Archimedes. Moet men dan een supergenie zijn om dat allemaal te kunnen bevatten in één hersenmassa? Niet helemaal, want indien we erin slagen om op intelligente wijze ons eigen multidisciplinair denk-, assimilatie- en integratievermogen te injecteren (lees: programmeren) in de huidige computers, dan kunnen die laatste met de onderzoeker mee gaan denken, en wel op een nóg hoger integratief niveau (bijvoorbeeld van quantumfysica over 3D-eiwitstructuur tot biochemische reactiviteit) en nóg sneller, en hypothesen genereren die inderdaad complexer in mekaar steken dan de *Homo Universalis* ze zelf ooit zou kunnen opwerpen. Deze laatste blijft echter onmisbaar om te waken over de 'integriteit van de integrativiteit' en om de eureka-momenten in te vullen ...

Profiel van de bioinformaticus (m/v)

Het typische profiel van de bioinformaticus ziet er veelzijdig uit. Ten eerste is een breed en volledig inzicht in de biomoleculaire opbouw en het functioneren van levende wezens vereist. Daarenboven – en even onmisbaar – wordt een grondige kennis van statistiek, wiskunde en informatietechnologie verondersteld; een bioinformaticus moet in staat zijn om bio(techno)logisch en informatietechnologisch inzicht te koppelen, en met die expertise het ontwerp, het beheer en de interpretatie te verzorgen van hoge-doorvoer moleculair-biologische experimenten. Bioinformatica in de engste zin ('-omica') wordt zelden als enige taak waargenomen. Omwille van zijn multidisciplinariteit wordt een bioinformaticus in zijn natuurlijke biotoop haast als vanzelf de 'man in the middle', het centrum van communicatie tussen biologen, statistici, systeembeheerders, programmeurs. Waar de onderzoeker in het labo vaak geen begrip oord vindt bij de systeembeheerder, kan de bioinformaticus vlotter de biologische problematiek naar een (informatie)-technologische ondersteuning vertalen. Het valt op dat er zich legio vraagstukken situeren op de doorsnedes van verschillende disciplines. Deze doorsnedes worden al te vaak ervaren als een verboden niemandsland door overgespecialiseerden. Als tegengewicht dient zich een ruime definitie van bioinformatica aan waar biostatistiek en consoorten zijn inbegrepen. Dat de term 'doorsnede' gewoonlijk wordt geassocieerd met 'inkrimping', mag men in het geval van de bioinformatica misschien beweren met betrekking tot het aantal geschikte kandidaat-beoefenaars, maar dus allerm minst over de reikwijdte van de discipline.

Biologische databanken

In het takenpakket van de bioinformaticus is vanaf het prille begin het hanteren van de vele zogenaamde relationele databanken inbegrepen. Zowat twee decennia geleden ontstond de idee om wereldwijd alle oude en nieuwe moleculair-biologische data op te slaan in publieke gegevensbanken, en deze laatste te laten beheren door instellingen van openbaar nut opdat ongebreidelde commerciële uitbuiting van universeel belangrijk wetenschappelijk erfgoed zo weinig mogelijk kans zou krijgen.

Uit deze internationale samenwerking ontstonden de grote drie, netjes verspreid over de aardbol en alle sequentieinfo met mekaar uitwisselend: GenBank (van NCBI: National Center for Biotechnology Information) in de VS^[2], EMBL = European Molecular Biology Laboratory (van EBI: European Bioinformatics Institute) in Europa^[3], en DDBJ (DNA Data Bank Japan) in Japan. Oorspronkelijk bevatten zij ruwe genetische data (zie figuur 1). Algauw breidden

(*Drosophila melanogaster*), WormBase (*Caenorhabditis elegans*), om er maar een paar te noemen. Het spreekt vanzelf dat er, voor de totstandkoming van zulke impressante gegevensbanken, het up-to-date houden ervan en de ontwikkeling van eraan gelinkte gebruikerstoepassingen (zoals de UCSC en Ensembl genoomverkenners, respectievelijk van NCBI en EBI), tienduizenden mensen een niet te onderschatten werk van wereldbelang verrichten, onder hen een merendeel bioinformatici.

Van nucleotide tot byte

Databanken bevragen is de eerste stap op de reis van menig bioinformaticus. Van hieruit kan men overgaan tot het vergelijkend onderzoek van sequenties: resultaten uit het wetenschappelijk onderzoek moeten worden gerelateerd aan de reeds beschreven exemplaren, bijvoorbeeld met behulp van BLAST (Basic Local Alignment Search Tool)^[4]. Dit kan leiden tot identificatie van een sequentie, of tot de constatactie dat men met iets nieuws te maken heeft. In dit stadium ziet de gebruiker BLAST nog als een hulpmiddel, net zoals de andere bioinformaticatoepassingen in de daaropvolgende reeks van analysestappen (zie figuur 2): selectie van verwante sequenties ter vergelijking (zogenaamde OTUs: Operational Taxonomic Units); aligneren van sequenties; dissimilariteiten en/of evolutionaire afstanden berekenen; reconstructie van de fylogenie middels een dendrogram dat gebaseerd is op de sequenties uit de zopas bekomen alignementen. Alle aangehaalde methoden verlopen langs een divers gamma van wijdverbreide computeralgoritmen. Opnieuw is het de gedegen multidisciplinariteit van de onderzoeker die garant staat voor een objectieve conclusie omtrent verwantschappen tussen organismen, diagnose van erfelijke ziektebeelden en kankers, en dergelijke meer. Het is precies op dit kruispunt dat sommige navorsers zich beginnen afvragen hoe ze zelf dergelijke analysemethoden kunnen optimaliseren en controleren.

De beschikbare software kan men aan het einde van de rit ook benaderen als een experiment op zich: hypothesen en tests worden niet langer alleen geconstrueerd rond de te analyseren sequenties, maar rond de analyseprogramma's zelf. Weldra ambiert men bijvoorbeeld op zoek te gaan naar nieuwe genen met behulp van eigenhandig geschreven verbeterde genpredictie-algoritmen voor specifieke gevallen, of wil men databanken doeltreffender ontginnen met eigen data mining scripts, enzovoort. Misschien ontwerpt hij of zij ooit wel het miraculeuze eiwitmodelleringsprogramma dat elke driedimensionele opbouw van structuurmotief betrouwbaar voorspelt, en daarmee de sleutel in handen geeft tot het verband tussen eiwitstructuur en -functie?

Het statuut van bioinformatica als wetenschapstak

Hoewel de bioinformatica-ontwikkeling pas recent plaatsvond, is het belang van deze discipline algemeen aanvaard, zowel voor fundamenteel als toegepast wetenschappelijk onderzoek. Wanneer we de vacaturekranten erop naslaan, vinden we af en toe openstaande betrekkingen

The screenshot shows the NCBI website interface. At the top, there are navigation tabs for 'PubMed', 'All Databases', 'BLAST', 'OMIM', 'Books', 'TaxBrowser', and 'Structure'. A search bar is visible with 'Nucleotide' selected and 'ab001800' entered. The search results show a single entry for 'AB001800' from 'Chlamydia peittaci'. The entry details include the locus, definition, accession number, version, keywords, source, organism, reference, title, journal, and features. Annotations highlight the search process and the resulting report.

Figuur 1: Voorbeeld van een NCBI-zoekactie op basis van het zogenaamde "accessionnummer", dit is een unieke cijfer- en lettercombinatie die aan een item wordt toegekend. Na aanduiden van de te doorzoeken databank en een zoekterm, verschijnt na weinig tussenstappen het opgevraagde item in een formaat dat door de gebruiker kan worden bepaald. Uiteraard kan men multiple datasets in één keer bekomen mits gebruik van goed doordachte (samengestelde) zoektermen.

de mogelijkheden tot input door, en finale output aan, de wetenschappelijke gemeenschap uit met databanken over eiwitten, eiwitstructuren ('Conserved Domains'), gen-expressieregio's ('Expressed Sequence Tags'), ribosomale RNAs, cDNA-bibliotheken, functionele genannotaties ('Gene Ontology') ... tot en met de recente explosie van ganse genomassemblages.

Intussen werden nog veel meer complementaire databanken in het leven geroepen om de druk op voornoemde instituten te spreiden: Swiss-Prot (Zwitserland), PIR (Protein Information Resource, VS), European Ribosomal RNA Database (ontstaan in Antwerpen, overgebracht naar Gent), enzovoort. Wereldberoemd werden ook de diepgespecialiseerde DNA-, RNA- en proteïendatabanken die voortvloeiden uit projecten omtrent het in sequentie brengen van het volledige genoom van een bepaald organisme: FlyBase

specifiek voor bioinformatici, en quasi alle biotechbedrijven hebben minstens één (self-made) biostatisticus/bioinformaticus in dienst.

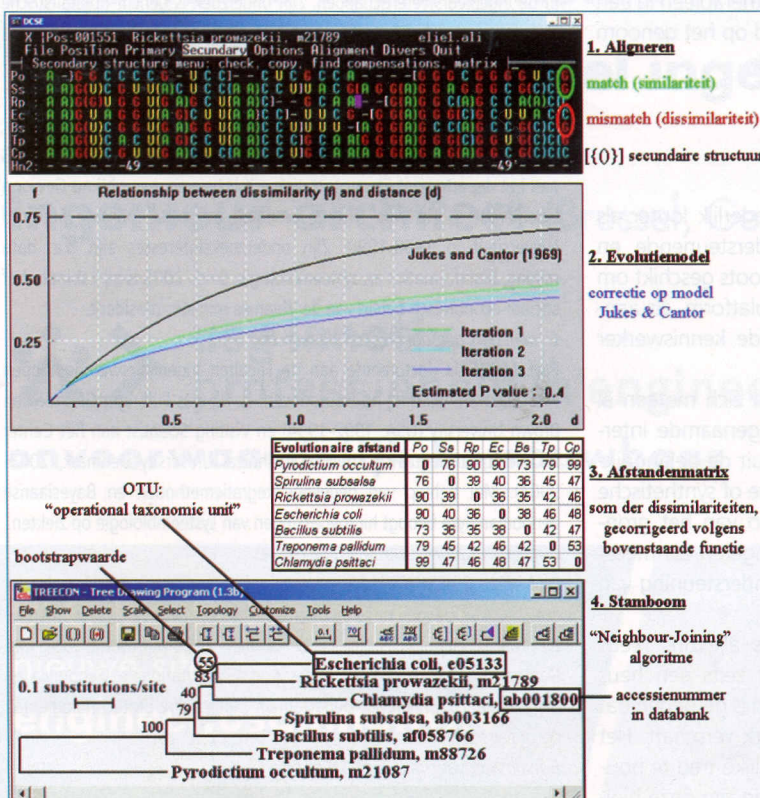
Internationaal schieten de bioinformaticavaktijdschriften en -symposia als paddestoelen uit de grond, wat overigens niet noodzakelijk garandeert een verhoging van de kwaliteit van het gepubliceerde werk, maar eerder gepaard gaat met de hype rond het tienerkind uit het huwelijk tussen bio en IT. Wél een prachtige indicatie van het belang en de impact van bioinformatica, is het feit dat de uitvinders (Altschul en medewerkers) van de hogergenoemde BLAST-tool tot de meest geciteerde wetenschapsauteurs aller tijden behoren.

In het hoger onderwijs maakt bioinformatica tegenwoordig deel uit van de lijst van keuzevakken binnen richtingen zoals biochemie, biologie, biotechnologie, farmaceutische en biologische technieken, biomedische wetenschappen. Iets verwonderlijk zijn dan weer de voorlopig geringe mogelijkheden om aan Belgische universiteiten een volledige bioinformaticaopleiding te volgen (zie kaderstuk). Er moeten in die richting dringend initiatieven komen ter ondersteuning van de verdere uitbouw en bovenal de kwaliteitsgarantie van de Belgische bioinformaticacentra, alsook voor aanleg, onderhoud en uitbreiding van de hiervoor benodigde 'High Performance Computing' parken. Het Fonds voor Wetenschappelijk Onderzoek heeft voortsnog geen aparte jurycommissie 'Bioinformatica', wat de selectie van toekomstgerichte en innovatieve bioinformaticaprojecten bemoeilijkt. België mag nog steeds prat gaan op wereldfaam in de moleculaire biologie, geneeskunde en IT, maar in de context van groeiende internationale competitiviteit is elk initiatief dat de synergie tussen deze disciplines bevordert cruciaal. Projecten zoals Bioscope-IT^[5], gesteund door het IWT, proberen daaraan bij te dragen. BioScope-IT is een netwerkinitiatief omtrent bioinformatica. Hoofddoel is de stimulering van

het gebruik van en het verhogen van kennis rond bioinformatica in Vlaamse biotechbedrijven door het inbouwen van een solide expertisenetwerk. Via pro- en retro-actieve dienstverlening (trainingen, workshops en adviezen) wordt enerzijds gepoogd in te spelen op de noden met betrekking tot bioinformatica, en anderzijds wordt een snellere wisselwerking tussen Vlaamse biotechbedrijven, de kenniscentra en de gespecialiseerde bioinformaticabedrijven betracht, die aldus de drempel voor het gebruik van bioinformatica moet verlagen. BioScope-IT is een initiatief van FlandersBio (www.flandersbio.be) dat gefinancierd wordt binnen het netwerk van de Vlaamse Innovatie Samenwerkingsverbanden (VIS) van het IWT. De twee kenniscentra verantwoordelijk voor de uitvoering van het project zijn het Laboratorium voor Bioinformatica en Computatieve Genomica (BioBix) van de Faculteit Bioingenieurswetenschappen van UGent (Prof. Wim Van Criekinge), en het Laboratorium voor Bioinformatica Biol@SCD van het Departement ESAT van KULeuven (Prof. Yves Moreau en Prof. Bart De Moor).

Toegevoegde waarde binnen bedrijven en instellingen

Biotechnologische en diagnostische doorbraken laten ons toe om reusachtige hoeveelheden gegevens over levende systemen te verzamelen op korte tijd. Dit resulteert niet onmiddellijk in een beter begrip van de onderliggende mechanismen van gezondheid en ziekte. Waar bij vroegere probleemstellingen direct inzicht verworven werd uit een beperkte hoeveelheid data, moet men momenteel in eerste instantie een OVERzicht proberen te scheppen. Bioinformatica maakt het mogelijk om uit exhaustieve databestanden – tot ettelijke tienduizenden genen en proteïnen voor elk bestudeerd organisme – de relevante



Figuur 2: Beknopt stappenschema van een eenvoudige fylogenetische analyse op het 16S rRNA-gen van enkele bacteriën. Conclusies uit dit dendrogram zijn o.a.:

- 1) *Pyrodictum* wijkt als lid van de Archaea (de vroegere *Archaeobacteria*) sterk af van de andere prokaryoten
- 2) *Chlamydia (ophi)l) psittaci* (de verwekker van papegaaientekort of *psittacose*) heeft een versnelde evolutie doorgevoerd, zichtbaar aan de grote taklengte na de finale afsplitsing
- 3) De nauwst verwante organismen (kortste afstand van het ene eindpunt naar het andere) zijn *Escherichia* en *Rickettsia* (allebei *Proteobacteria*), of ook *Spirulina* en *Bacillus* (kleuren allebei Gram-positief, maar behoren wel tot verschillende fyla, respectievelijk *Cyanobacteria* en *Firmicutes*, waardoor ze niet in één cluster samen voorkomen)
- 4) De lage bootstrapwaarde (40) voor de groep van de bovenste 4 taxa staat in schril contrast met de hoge waarde (83) voor de groep van de bovenste 3; dit geeft aan dat de precieze positie van *Spirulina* niet zeker is: die blijkt inderdaad ook wel eens af te splitsen van de gemeenschappelijke voorouder vóór *Bacillus* dat doet

Bioinformatica aan Vlaamse universiteiten

Masteropleidingen Bioinformatica aan Vlaamse universiteiten zitten heden in een embryonale fase. Vanaf het academiejaar 2007-2008 bieden de KULeuven en de UGent allebei een dergelijk tweejarig mastercurriculum aan met als respectievelijke officiële benamingen 'Master in Bio-informatica' en 'Master in Biochemie en Biotechnologie, Optie: Bio-Informatica'. De Universiteit Hasselt is dan weer de voortrekker op het vlak van de opleiding 'Master in Biostatistiek', die daar al enkele jaren in voege is. Veel van de opleidingsonderdelen die in een specifieke master's uitgebreid aan bod komen, worden wel al sinds een paar jaar in gecompriëerde vorm gedoceerd als losse keuzeonderdelen aan de universiteiten van Gent, Leuven, Hasselt, Brussel (VUB) en Antwerpen. Courante vakbenamingen luiden: Bioinformatica, Genoominformatica, Programmeren in Perl, Data Mining, Moleculaire Fylogenie en Diagnostiek, Genomica, Proteomica, Modelling van Levende Systemen, Medische Informatica, Biostatistiek, (Bio)medische Statistiek, Biometrie, Gegevensverwerking en -verwerking, ...

informatie te extraheren, te vergelijken, te koppelen en te vertalen. Zo kunnen uit metabolietprofielen de syntheseroutes van lichaamseigen stoffen worden afgeleid, of juist het lichaamsvreemde karakter van een product worden vastgesteld bij dopingtests. Op basis van massaspectra worden talloze normale en abnormale eiwitten (biomerkers) geïdentificeerd onder andere bij kanker en erfelijke aandoeningen. Ook het analyseren van complete genoomsequenties en het leggen van verbanden tussen organismen is het werkterrein van de bioinformatica. De informatie die hieraan ontspruit is rechtstreeks van nut bij de veredeling van dieren- en plantenrassen, gist- en bacteriestammen, en allerhande vaccineringsbereidingen. In feite zijn we dankzij de moderne bioinformatica slechts één stap verwijderd van de algemene invoering van een soort gepersonaliseerde geneeskunde waarbij therapieën in een mum van tijd kunnen worden afgestemd op het genoom of proteoom van elke patiënt afzonderlijk.

Besluit

Al te lang werd bioinformatica stiefmoederlijk louter als 'tool' beschouwd. Het generieke, ondersteunende en flexibele karakter ervan is echter ruimschoots geschikt om te dienen als volwaardig kennis- en leerplatform, als aangrijpingspunt en voedingsbodempunt voor de kenniswerker van de toekomst.

Onder impuls van de bioinformatica zijn zich meteen al de kruitlijnen van een aantal nieuwe zogenaamde interface-disciplines aan het voltrekken. Veruit de belangrijkste is de (computationele) systeembioologie of synthetische biologie: het wedersamenstellen *in silico* van het grondig geanalyseerde organisme om te fungeren als meest natuurgetrouw benaderingsmodel ter ondersteuning van allerhande experimenten.

Het concept van de systeembioologie is alleszins reeds furore aan het maken in de VS, waar zelfs een heus Institute for Systems Biology^[6] in het leven is geroepen dat aan meer dan 130 systeembioologen werk verschaft. Het wordt een hele opgave om in Europa gelijke tred te houden wat systeembioologie betreft. Gelukkig zijn onze bio-

informatici even uitmuntend als in de VS en Japan, alleen laten de financiële steunmaatregelen vanwege de autoriteiten wat langer op zich wachten. Op de veel kleinere, Vlaamse schaal kunnen we ons pas druk maken over een Instituut voor Systeembioologie nadat in de eerste plaats het levenslicht is geschonken aan een Vlaams Instituut voor Bioinformatica.

Referenties

1. Gilks, W.R. (2004). Bioinformatics - new science, new statistics? *Significance* 1, 7-9.
2. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
3. <http://www.ebi.ac.uk/>
4. Altschul, S.F., Madden, T.L., Schäffer, A.A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. & Lipman, D.J. (1997). Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Res.* 25, 3389-3402.
5. <http://www.bioscope-it.be>
6. <http://www.systemsbio.org>

Auteurs

Dr. VANDEKERCKHOVE doctoreerde als multidisciplinair microbioloog, moleculair fylogenetisch en evolutionair dierenecoloog aan de Universiteit Gent. Met een combinatie van laboratoriumproeven en *in silico* bioinformatische analyses verduidelijkt hij hoe intracellulaire bacteriën geslachtelijke processen in ongewervelden kunnen manipuleren en zo de evolutie sturen. In september 2006 vervoegde hij het BIOBIX-team.

E-mail: tom.vandekerckhove@ugent.be

Dr. ir. BEKAERT is bio-ingenieur in de Cel- en Genbiotechnologie en doctor in de Toegepaste Biologische Wetenschappen. Zij coördineerde vanaf de start het BioScope-IT project vanuit BIOBIX en is momenteel actief als postdoctoraal IOF-Technology Developer binnen een valorisatieconsortium omtrent 'validatie van biomerkers voor veroudering en kanker' aan de Universiteit Gent.

E-mail: sofie.bekaert@UGent.be

Dr. ir. COESSENS is bio-ingenieur in de Cel- en Genbiotechnologie en doctor in de Ingenieurswetenschappen. Zijn onderzoek is gericht op statistische technieken voor het betrekken van biologische informatie bij de analyse van hoge-doorvoerexperimenten. Op dit ogenblik coördineert hij als postdoc de ESAT-SCD, K.U.Leuven het eerder besproken BioScope-IT project.

E-mail: bcoessen@gmail.com

Prof. DE MOOR (www.esat.kuleuven.be/~demoor) doctoreerde in 1988 aan het departement Electrotechniek – K.U.Leuven, waar hij nu Gewoon Hoogleraar is. Hij was 'visiting research associate' aan de Stanford Universiteit in 1988-1990. Zijn onderzoeksinteresses zijn o.a. data mining, bioinformatica en systeembioologie. Sinds 2005 is hij kabinetschef sociaal-economisch beleid van de Vlaamse minister-president.

E-mail: bart.demoor@esat.kuleuven.be

Prof. MOREAU doctoreerde aan de Faculteit Ingenieurswetenschappen – K.U.Leuven, waar hij nu Hoofddocent is. Hij was Fulbright Grantee aan Brown University (USA, 1992-1994) en Visiting Scientist aan het Center for Biological Sequence Analysis (Technical University Denmark, 2003-2004). Met behulp van gegevensintegratiemethoden en Bayesiaanse genoomanalyse beoogt hij toepassingen van systeembioologie op ziekten.

E-mail: yves.moreau@esat.kuleuven.be

Prof. VAN CRIEKINGE is specialist in bioinformatica. Hij was medeoprichter van Devgen en is momenteel vice-president van het Biomerkers en Farmacogenomica onderzoek binnen OncoMethylome Sciences. Daarnaast is hij part-time professor in Computationele Genomica en Bioinformatica binnen het Departement Moleculaire Biotechnologie aan de Universiteit Gent.

E-mail: wim.vancrieking@ugent.be