

17th Asia Pacific Bioinformatics Conference (APBC 2019)

Audrey Legendre

La conférence annuelle de bioinformatique d'Asie du Pacifique s'est déroulée cette année du 14 au 16 janvier à Wuhan en Chine. Elle a été organisée par David Sankoff et le collège informatique de l'université historique de Wuhan, *Huazhong Agriculture University*. Ce collège est organisé en quatre départements dont un est entièrement consacré à la bioinformatique. Le comité de la conférence est composé de nombreux chercheurs de toutes nationalités confondues.

Cette conférence internationale a accueilli trois keynotes : Ming Li, Fengzhu Sun et Ron Shamir; 8 highlights, 51 présentations originales ainsi que 33 posters.

La contribution de Ming Li a porté sur des traitements personnalisés pour guérir les cancers à l'aide de néo-antigènes. Chaque patient possède à la surface de ses cellules des antigènes qui lui sont propre. Le principe étant de découvrir les antigènes des cellules cancéreuses du patient grâce à une technique avancée de spectrométrie de masse et à de l'apprentissage profond pour proposer un traitement personnalisé.

La problématique des travaux de Ron Shamir était également le cancer. Deux méthodes d'analyses intégrative de données -omiques ont été présentées. La première méthode permet l'analyse intégrative d'un type de données -omiques de plusieurs types de cancers et la deuxième méthode l'analyse intégrative de plusieurs types de données -omiques pour un seul type de cancer. Une méthode permettant l'identification personnalisée de gènes importants impliqués dans les tumeurs a également été présentée.

Fengzhu Sun a présenté plusieurs outils de bioinformatique pour étudier les virus à partir de données métagénomiques. L'outil VirFinder permet la détection de virus et l'outil VirHost-Matcher la détection de bactéries hôte de virus. Les outils LSA (Local Similarity Analysis) pour la prédiction d'associations microbiennes et COCACOLA pour le regroupement de contigs ont également été présentés.

La conférence a également accueillie des chercheurs travaillant sur des sujets connexes à mon sujet de thèse, à savoir la bioinformatique structurale et les ARNs. Plusieurs travaux portaient sur la détermination de la structure de l'ADN. Une nouvelle méthode pour la prédiction de structure 3D de chromosome a été présentée (Highlight 193). Cette méthode, appelée GEM (*Genomic organization reconstructor based on conformational Energy and Manifold learning*), utilise l'apprentissage à partir de données de Hi-C, qui sont des données de conformation 3D d'ADN. Pour la prédiction de la structure 3D de la chromatine à partir également de données Hi-C, un outil appelé SuperRec a été présenté. Les auteurs de cet outil proposent un nouvel algorithme de complexité moins importante en espace et en temps que les autres outils disponibles de la littérature (Papier 124). Une présentation particulièrement intéressante pour moi a été celle présentant l'outil ReactIDR pour prédire des régions où l'ARN se replie en formant des boucles et des hélices (Papier 25). ReactIDR utilise des chaînes de Markov cachées et des données expérimentales obtenues par méthodes HTS (*High-Throughput Screening*).

Highlight 193 : Jianyang Zeng, Machine learning algorithm for modeling 3D chromosome structures.

Papier 25 : Risa Kawaguchi, ReactIDR: Evaluation of the statistical reproducibility of high-throughput structural analyses for a robust RNA reactivity classification.

Papier 124 : Shuaicheng Li, Large-scale 3D chromatin re-construction from chromosomal contacts.