



Un autre projet mis de l'avant par

GenomeCanada

Base de données du réseau d'interaction biomoléculaire (BIND)

| | |
|----------------------------|------------------------------------|
| État | Antérieur |
| Concours | Concours II |
| Secteur | Santé |
| Centre de génomique | Institut de génomique de l'Ontario |
| Directeur de projet | Christopher Hogue |

Résumé du projet

Partout dans le monde, des chercheurs du Projet du génome humain produisent une immense quantité d'information brute sur les gènes et les protéines. Il faut transformer cette information en connaissances si nous voulons qu'elle serve dans d'autres études et des applications pratiques. Elle doit être structurée en bases de données, analysée de nombreuses manières et par-dessus tout, mise à la disposition des chercheurs, où qu'ils soient.

Dans notre projet, nous créons des bases de données spécialisées qu'utilisent les chercheurs en génomique du monde entier. La première base de données, appelée BIND, renferme des données sur plus de 200 000 interactions protéines-ADN, les processus biologiques qui font fonctionner les cellules vivantes et qui sont indispensables à la recherche en biologie et en médecine. La deuxième base de données, appelée SMID, décrit en détail plus de 13 millions de sites de liaison chimique sur les molécules protéiques; ces sites peuvent servir à cibler des applications médicales et industrielles de produits chimiques qui modifient les protéines qui interviennent dans les processus biologiques. Une troisième base de données, appelée SeqHound, renferme de l'information brute provenant du Projet du génome humain à partir de laquelle nous avons construit les bases de données BIND et SMID. Nous avons soigneusement passé au crible l'information de ces bases de données pour nous assurer de sa très grande qualité, un facteur essentiel à la recherche. Nous avons également conçu un grand ensemble d'outils logiciels qui permettent de très nombreux types d'analyse de l'information contenue dans nos bases de données.

Des milliers de chercheurs biomédicaux partout dans le monde utilisent nos bases de données pour découvrir de nouveaux liens entre les gènes et les protéines qui pourraient autrement passer inaperçus. On réduit ainsi le coût et le temps de recherche et on aboutit à une meilleure compréhension du fonctionnement des cellules. Grâce à l'utilisation des bases de données BIND et SMID, les chercheurs peuvent concevoir de nouveaux médicaments pour traiter de nombreuses maladies.

Info-éclair

| | |
|--|--|
| Résultats mis en évidence : | Création de bases de données qui contiennent des données sur les interactions moléculaires cruciales utilisées par les chercheurs biomédicaux partout dans le monde. |
| Nombre de membres du personnel de recherche employés dans ce projet : | Plus de 100 |
| Nombre de publications arbitrées : | 20 publications et plus 48 présentations à la suite d'invitations; des centaines de publications ont en outre utilisé les bases de données. |
| Nombre de brevets en instance ou obtenus : | 1 |
| Ressources produites : | Bases de données SeqHound, BIND, SMID mises à la disposition du public, et un grand ensemble de logiciels d'analyse |
| Nombre d'activités d'information du public : | 30 |