

L'informatique à la rescousse du génome humain

Dominique Forget

Le 10 février 2001, des chercheurs américains, australiens et espagnols semaient un émoi mondial en complétant le séquençage du génome humain, quatre ans avant la date prévue. Les 23 chromosomes, 30 000 gènes et 3 milliards de nucléotides qui com-

posent le bagage génétique de l'être humain avaient été identifiés. L'exploit était de taille et pourtant, aujourd'hui, le mystère demeure presque entier. En effet, les données accumulées sont si nombreuses que les généticiens n'arrivent pas encore à les interpréter.

«Le génome humain est un peu

comme une langue étrangère pour laquelle on n'a pas encore découvert la pierre de Rosette», explique Anne Bergeron, professeure au Département d'informatique de l'UQAM. «On se retrouve devant trois milliards de lettres, mais on ne sait même pas où commencent et où se terminent les mots. Tant qu'on n'aura pas réussi à

déchiffrer le code, on ne saura pas à quoi servent les gènes.»

Devant l'immensité de la tâche, les généticiens ont appelé au secours leurs confrères informaticiens. De là est née la bio-informatique, une des disciplines scientifiques les plus en demande à l'heure actuelle. «Les informaticiens ont l'habitude de traiter de longues chaînes de caractères codées», poursuit Mme Bergeron, l'une des trois professeures spécialisées en bio-informatique à l'UQAM. «Très souvent, on travaille avec des chaînes de 0 et de 1, pour lire des fichiers mp3 par exemple. Quand on bâtit des moteurs de recherche comme Google, on travaille avec toutes les lettres de l'alphabet. Avec le génome humain, on lit plutôt des séries de quatre lettres : A, T, G et C. Ces dernières correspondent aux quatre bases azotées qui forment les chaînes d'ADN.»

En collaboration avec Cedric Chauve et Vladimir Makarenkov, aussi du Département d'informatique, la professeure Bergeron met au point différents programmes pour organiser, gérer et analyser les données génétiques. Elle apprend entre autres aux logiciels à reconnaître certaines séquences types du génome. Les généticiens savent, en effet, que certaines chaînes de caractères correspondent systématiquement à des codons de départ : ils indiquent le début d'un nouveau gène. D'autres séries de bases azotées ne se retrouvent qu'à la fin d'un gène. Ces indices servent donc à découvrir de nouveaux gènes.

Peu à peu, en collaboration avec les biologistes, les bio-informaticiens espèrent qu'ils arriveront à déterminer les fonctions des gènes, les circonstances dans lesquelles ils s'expriment et leurs relations possibles avec des maladies connues. Ils espèrent aussi élucider quelques mystères entourant l'évolution des espèces vivantes. «En collaboration avec des professeurs du Département des sciences biologiques, nous comparons les génomes de différentes espèces pour voir quels gènes ils ont en commun et déterminer s'ils

proviennent d'une même souche», précise Anne Bergeron.

DESS en bio-informatique

D'ici quelques semaines, l'informaticienne lancera sa campagne annuelle de recrutement pour le Diplôme d'études supérieures spécialisées en bio-informatique, offert par l'UQAM depuis l'automne 2002. Celle qui dirige le programme depuis sa création doit trimer dur pour convaincre étudiants et professionnels d'embarquer dans l'aventure. «On recrute soit des informaticiens qui ne connaissent à peu près rien à la biologie ou encore des biologistes et des biochimistes qui ne sont pas familiers avec les notions d'informatique, affirme-t-elle. Dans les deux cas, les étudiants doivent faire preuve d'audace, car ils s'aventurent en terrain inconnu.» Pourtant, les grandes questions scientifiques sont aujourd'hui si complexes qu'elles demandent souvent de travailler au sein d'équipes pluridisciplinaires. «Les étudiants qui participent au programme acquièrent un nouveau respect pour la discipline qu'ils découvrent. Un tout nouvel univers s'ouvre à eux.»

Selon Craig Venter, un des principaux chercheurs derrière le décryptage du génome humain, il faudra encore 100 ans aux scientifiques avant de commencer à comprendre le fonctionnement de tous les gènes. Grâce à son solide bassin de chercheurs, Montréal jouera sans aucun doute un rôle clé au sein de cette nouvelle croisade scientifique. «Les experts en bio-informatique sont très courus, confirme Mme Bergeron. Mais les débouchés ne sont pas la seule raison pour laquelle les étudiants devraient choisir cette voie. Ce qui est attrayant avant tout, c'est la possibilité qu'ont les bio-informaticiens de contribuer à la connaissance de l'être humain et à celle des autres espèces vivantes. C'est peut-être la plus belle application de l'informatique.» ●



Photo : Nathalie St-Pierre

Anne Bergeron, professeure au Département d'informatique de l'UQAM.