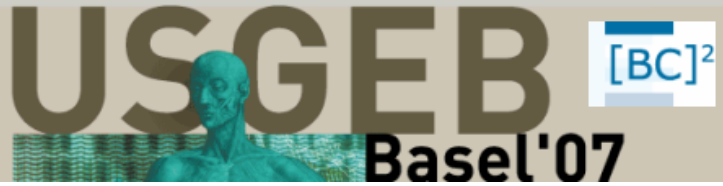


## Basel Computational Biology Conference



### **USGEB/[BC]<sup>2</sup> Kongress 2007: Hintergrundinformationen für Journalisten**

(Diesen Text können Sie auch unter <http://www.usgeb2007.ch/MediaInformation.pdf> aus dem Internet herunterladen)

Der 39. Jahreskongress der USGEB<sup>1</sup> findet diesem Jahr vom 13.-14. März in der Messe in Basel statt.

#### **Was ist das besondere an der diesjährigen Tagung?**

In diesem Jahr findet die USGEB Jahrestagung erstmals gemeinsam mit der jährlichen Tagung der Schweizer Bioinformatiker [BC]<sup>2</sup> (Basel Computational Biology Conference) statt.

Das Thema der breit gefächerten Tagung „*From Euler to Computational Biology: Mathematics in Biological Research*“ wurde zu Ehren des berühmten Basler Mathematikers Leonhard Euler (1707-1783) gewählt, dessen Geburtstag sich in diesen Tagen zum 300. Mal jährt. Mit experimentellen Techniken versuchen Biologen seit langem zu ergründen, wie wir leben, aber auch warum wir krank und wie wieder gesund werden können. In den letzten Jahren hat sich die biologische Grundlagenforschung jedoch dramatisch verändert, in erster Linie durch den Zugang zu den vollständigen Genomsequenzen verschiedenster Organismen, einschliesslich dem des Menschen, und durch die Möglichkeit wichtige Messungen quantitativ mit hohem Durchsatz automatisiert durchzuführen. Diese Entwicklungen bilden die Grundlage für die aufstrebende Disziplin der Systembiologie, die sich zum Ziel gesetzt hat, komplexe physiologische Prozesse in Organismen mit Hilfe exakter physikalischer, chemischer und mathematischer Ansätze zu beschreiben, die anschliessend deren Modellierung im Computer und genaue Vorhersagen über das Systemverhalten erlauben.

Der USGEB-Kongress bildet damit eine einzigartige Plattform der modernen Biologie, die sich nun vornehmlich durch den quantitativ analytischen Ansatz auf der experimentellen wie auch theoretischen Ebene profiliert.

Mit der USGEB 2007 möchten die Organisatoren der Konferenz darlegen, wie unerlässlich diese Zusammenarbeit ist und die Teilnehmer ermutigen, den nicht immer einfachen Dialog zwischen Biologie, Mathematik und Informatik weiterzuverfolgen.

---

<sup>1</sup> Union Schweizerischer Gesellschaften für Experimentelle Biologie / Union des Societes Suisses de Biologie Experimentale / Union of the Swiss Societies for Experimental Biology; [www.usgeb.ch](http://www.usgeb.ch)  
Basel Computational Biology Conference, [www.bc2.ch](http://www.bc2.ch)

## Wer nimmt an der Tagung teil?

Die USGEB Jahrestagung war immer das Forum für Nachwuchswissenschaftler. In diesem Jahr haben sich mehr Teilnehmende als jemals zuvor angemeldet. Das diesjährige Thema macht die Veranstaltung aber auch für schon international renommierte Experten interessant. Über 900 Forscherinnen und Forscher treffen sich in Basel und präsentieren sowie diskutieren in Workshops zu den Gebieten der (i) Netzwerktheorien, (ii) Genomics und Proteomics, (iii) Evolutionsbiologie, (iv) Epidemiologie der Tropenkrankheiten und (v) Organogenese. Bedeutende Wissenschaftler aus dem Ausland und der Schweiz<sup>2</sup> (s. beiliegendes Programm) werden den roten Faden legen und die Tagung mit den Hauptvorträgen stimulieren sowie die Diskussionen in den 11 attraktiven Workshops und rund um die Posterpräsentationen einleiten. Neben Teilnehmern aus der akademischen Forschung aus der gesamten Schweiz rechnen wir mit grossem Anklang bei den Vertretern der Basler Pharmaindustrie. Gemeinsam wird man den Vorträgen nationaler und internationaler Experten folgen, die über die erfolgreiche Anwendungen mathematischer Methoden auf biologische Fragestellungen aus ihrer eigenen Forschung berichten werden.

Auch die Jungwissenschaftler kommen in diesem Jahr nicht zu kurz: Rund 150 Nachwuchsforschende werden ihre Resultate in Form von Postern zur Diskussion stellen. 15 junge Talente werden die wissenschaftlichen Fragestellungen mit denen sie sich beschäftigen im Rahmen eines der o. g. Workshops vorstellen.

## Was ist die Kernbotschaft der Veranstalter?

„Unserere Veranstaltung hat zwei Ziele: Zum einen wollen wir den Austausch von Ideen zwischen Wissenschaftlern verschiedenster Disziplinen fördern,“ meint **Susan Gasser**, die Vorsitzende des diesjährigen USGEB/[BC]2-Organisationskomitees und Direktorin des Friedrich Miescher Instituts. „Zum andern möchten wir verdeutlichen, welche zentrale Rolle Mathematik und quantitative analytische Methoden in der modernen biomedizinischen Forschung spielen. Es ist unerlässlich, dass unsere Universitäten darauf achten, die Ausbildung der Studierenden in rechnergestützten und mathematischen Methoden im gleichen Masse zu fördern, wie sie die biomedizinische Forschung, bzw. den ganzen sogenannten "Life Sciences"-Bereich weiter ausbauen“.

## Warum sind die Sprecher hörensenswert?

Als Sprecher konnten die Organisatoren internationale Spitzenforscher gewinnen, die an Beispielen aus ihrer eigenen Forschung darlegen werden, wie sie mathematische Methoden erfolgreich auf ihre biologischen Fragenstellungen anwenden:

- So ist der Japaner **Hiroaki Kitano** einer der Pioniere, wenn es darum geht eine Zelle oder ein Organ in der Gesamtheit ihrer komplexen und dynamischen Abläufe (z. B. Umweltanpassung, Alterung oder Immunabwehr) quantitativ zu verstehen und abzubilden. Kitano gründete sein Institut für Systembiologie in Tokio schon im Jahre 2000.
- Mindestens ebenso berühmt für die Analyse und Simulation eines ganzen Organs ist Professor **Denis Noble** von der Universität Oxford. Noble gehört zu den Pionieren im Bereich der Computermodellierung biologischer Systeme und war der erste Wissenschaftler, der jemals ein komplettes Organ am Computer simulierte: das „virtuelle Herz“.
- In der Forschungsgruppe von **Rainer Friedrich**, die vor kurzem ans Friedrich-Miescher-Institut in Basel umgezogen ist, wurden moderne optische Methoden etabliert um die Aktivität tausender Nervenzellen im intakten Gehirn direkt sichtbar zu machen. Die so

---

<sup>2</sup> Alan Cowman (WEHI, Melbourne), Eddi de Robertis (UCLA, USA) Klaus Dietz (Tübingen), Rainer Friedrich (Max Planck Institut, Heidelberg), Hiroaki Kitano (Sony Computer Sciences Laboratory, Japan) Matthias Mann (Max Planck Institut Martinsried), Denis Nobel (Oxford), Svante Pääbo (Max Planck Institut Leipzig), Renato Paro (CBSE ETH Zürich, Basel), Olivier Pourquié (Stowers Institute, Kansas City)

gemessenen raum-zeitlichen Aktivitätsmuster erlauben es den Forschern nun, durch mathematische Analysen Prinzipien der Informationsverarbeitung in komplexen neuronalen Systemen zu extrahieren.

- Mit dem vor kurzem in Basel eröffneten Departement für Systembiologie (D-BSSE) von **Renato Paro**, einem weiteren Plenarsprecher, hat die Stadt ein Vorzeigeprojekt ansiedeln können, mit dem sie sich der internationalen Aufmerksamkeit sicher ist. D-BSSE zielt auf die Verbindung von Ingenieurwissenschaften und Molekularbiologie. Bereits die ungewöhnliche Zusammenarbeit zwischen der ETH Zürich und Basel beim Aufbau des Instituts ist ein Meilenstein dieser Entwicklung. Der Forschungsstandort Basel hat seit langem hervorragende wissenschaftliche Aktivitäten in den Bereichen Nanobiology und Nanoimaging vorzuweisen, die beide auf neuartigen technologischen Fortschritten im Bereich der Physik basieren und der biologischen Forschung spektakuläre Fortschritte bei der Gewinnung quantitativer Daten erlauben. D-BSSE wird diese Aktivitäten weiter stärken und verdeutlicht damit den gesamtschweizerischen Ansatz von „Systems X“, der Schweizer Systembiologie Initiative.
- Ein weiteres Beispiel für die Verbindung von Mathematik und der biomedizinischen Forschung findet sich in der Infektionsbiologie, die in Basel schon seit Jahrzehnten ein Schwerpunkt bildet. Infektionskrankheiten und deren Übertragung können mittels Modellierungen verstanden werden und ermöglichen Vorhersagen über mögliche Ausbreitungsmuster, insbesondere auch Epidemien. **Klaus Dietz** von der Universität Tübingen wird diese Dimensionen auf der Basis von Malaria und anderen Infektionskrankheiten erläutern.
- An Malaria versterben jedes Jahr über zwei Millionen Menschen, die meisten davon Kinder. **Alan Cowman** vom Walter und Eliza Hall Institut in Australien, wird in seinem Hauptvortrag aufzeigen wie *Plasmodium falciparum*, die tödlichste Variante der Malaria, in die roten Blutkörperchen des Menschen eindringt und auch die Immunantwort des Wirtes umgehen kann. Solche Erkenntnisse schaffen die Grundlagen, um neue Wege der Medikamenten- und der Impfstoffentwicklung zu finden, wie diese in Basel vom Schweizerischen Tropeninstitut verfolgt werden.
- **Matthias Mann** vom Max Planck Institut für Biochemie entwickelte eine Methode, um quantitativ diejenigen Stellen in einer Zelle zu identifizieren, die auf ein bestimmtes Signal einer anderen Zelle antworten. Die so gewonnenen Daten sind nicht zuletzt auch für Krebsforscher nutzbringend, da es im Verlauf von Tumorerkrankungen häufig zu Störungen der zellulären Signalübertragung kommt.
- Die Sequenzierung vollständiger Genome, inklusive die des Menschen und nahe verwandter Primaten, hat die Evolutionsforschung und somit unser Verständnis der Weitergabe genetischer Information grundlegend revolutioniert. In der "Nach-Genom" Ära ist es möglich Veränderungen, die im Laufe der Evolution einer Spezies im Genom stattgefunden haben zu analysieren. Dadurch ergeben sich zum Beispiel neue Einsichten in die Unterschiede in der Entwicklung von Menschen und Affen. **Svante Pääbo** vom Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie spricht über sein Projekt das Genom des Neandertalers zu sequenzieren und somit die genetischen Veränderungen benennen zu können, die den Menschen vor etwa 100.000 Jahren befähigten Afrika zu verlassen und sich auf der gesamten Welt auszubreiten.
- Pääbos Vortrag wird ergänzt durch das Referat von **Dirk Schübeler**, dem diesjährigen **Gewinner des** jährlich von der USGEB vergebenen **Friedrich Miescher Preises (Preisverleihung Dienstag 13. März, 16:00 Uhr, Raum Montreal/Singapur)**. Der junge Basler Forscher untersucht die epigenetischen Veränderungen im menschlichen Genom und korreliert diese Befunde mit zellulären Veränderungen und Krankheitserscheinungen.
- Im Bereich der Entwicklungsbiologie werden seit langem mathematische Methoden erfolgreich eingesetzt um Unterschiede in der Konzentration bestimmter Signalmoleküle

zu modellieren, und diese mathematischen Modelle gewinnen immer grössere Bedeutung. USGEB/[BC]<sup>2</sup> begrüsst in diesem Jahr zwei auf diesem Gebiet weltweit anerkannte Molekulargenetiker: **Eddy DeRobertis**, der in den 80er Jahren - neben dem Basler Walter Gehring - als Pionier die zentrale Bedeutung der sogenannten Homöobox-Gene aufzeigte. Damit gab er damals den entscheidenden Hinweis auf einen gemeinsamen embryonalen Bauplan, der allen Tieren gemeinsam ist.

- Die Ausführungen DeRobertis' werden von **Olivier Pourquié** vom Stowers Institute für Medizinforschung, der auf dem gleichen Gebiet arbeitet, komplementiert werden. Seine bisher wichtigste Entdeckung ist, dass es in Wirbeltierembryonen molekulare Uhren/Timer gibt, die durch zyklische Expression von Genen gebildet werden und die Entstehung der Somitenpaare entlang der anterior-posterioren Embryonalachse steuern. Die von Oliver Pourquié entdeckte Somitenuhr steuert die Bildung der Somitenpaare mit einer Periodizität von ca. 90-120 min während des Fortschreitens der Embryonalentwicklung.

### **Wo können Sie die Sprecher treffen?**

Die einzelnen Redner stehen unmittelbar nach ihren Vorträgen für Interviews zur Verfügung. Darüber hinaus wird es im **Foyer** auch einen Informationsstand für die Medien geben bei dem weitere Informationen erhältlich sind.

### **Ihre Ansprechpartner im USGEB/[BC]<sup>2</sup> Organisationskomitee:**

Das Organisationskomitee für dieses internationale wissenschaftliche Symposium setzt sich aus Dozenten und Professoren der Universität Basel und der ETH Zürich zusammen:

Susan M. Gasser (Vorsitzende), Friedrich Miescher Institut, Basel

Rudolf Aebersold, ETH Zürich

Silvia Arber, Friedrich Miescher Institut und Biozentrum der Universität Basel

Jan Hofsteenge, Friedrich Miescher Institut, Basel

Georg Holländer, Departement Klinisch-Biologische Wissenschaften, Universität Basel

Manuel Peitsch, Novartis Basel

Torsten Schwede, Biozentrum der Universität Basel und Schweizerisches Institut für Bioinformatik (SIB)

Radek Skoda, Departement Klinisch-Biologische Wissenschaften der Universität Basel

Marcel Tanner, Schweizerisches Tropeninstitut Basel

Rolf Zeller, Departement Klinisch-Biologische Wissenschaften der Universität Basel

### **GLOSSAR:**

Die **Schweizerische Gesellschaft für Biochemie (USGEB)** wurde 1958 gegründet mit dem Zweck insbesondere die Förderung der Biochemie und Biophysik in Forschung und Unterricht sowie die Fühlungsnahme mit ähnlichen schweizerischen und ausländischen Gesellschaften zu betreiben. [www.usgeb.ch](http://www.usgeb.ch)

Die **Basel Computational Biology Conference [BC]<sup>2</sup>** wurde 2002 von Torsten Schwede (Biozentrum der Universität Basel und Schweizerisches Institut für Bioinformatik) und Manuel Peitsch (Novartis Pharma AG) gegründet und ist ein wissenschaftliches Symposium im Bereich der Bioinformatik und computergestützten quantitativen Biologie. Seit 2003 wird sie jährlich zusammen mit Basler Forschern aus Akademie und Industrie organisiert. Unter dem Motto "Life Sciences meet IT" in 2003, 2004 "From Information to Simulation", 2005 "Biological Systems in silico", und 2006 "Comparative Genomics" konnte sich [BC]<sup>2</sup> zu einer Institution in diesem Gebiet etablieren, die über die Grenzen der

Schweiz hinaus bekannt ist. In diesem Jahr findet [BC]<sup>2</sup> erstmals gemeinsam mit USGEB statt. [www.bc2.ch](http://www.bc2.ch)

Am 15. April 2007 jährt sich zum dreihundertsten Mal der Geburtstag des grossen Schweizer Gelehrten **Leonhard Euler** (1707-1783). Das Werk des Basler Mathematikers und Philosophen ( im übrigen auch ein enger Freund des Naturwissenschaftlers Daniel Bernoulli (1700-1782), der ebenfalls für die heutige Biologie und Medizin noch von grösster Bedeutung ist) wird in heutigen Arbeiten auf den Gebieten der Molekular-, Zell und Entwicklungsbiologie sowie in der Bioinformatik, und in Modellierungsansätzen zur Organentwicklung und der Übertragung von Infektionskrankheiten widergespiegelt. Somit sind seine Arbeiten auch heute noch von grosser Bedeutung für die biologische Grundlagen- wie für die angewandte Forschung.

Das Organisationskomitee für USGEB 2007 wird von der Direktorin des Friedrich Miescher Instituts, **Susan Gasser**, geleitet. Das **Friedrich Miescher Institut** für biomedizinische Forschung mit seinen rund 290 Mitarbeitenden ist Teil der Novartis Forschungsstiftung und ist an die Universität Basel assoziiert. Die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler des Instituts erbringen herausragende Forschungsleistungen auf drei Gebieten der Grundlagenforschung: Epigenetik, Neurobiologie und Wachstumskontrolle. Im Rahmen der schweizweiten SystemsX-Initiative hat das FMI die Federführung eines Projekts in der Systembiologie zur Differenzierung von Stammzellen übernommen.