

# bioinformatica in Antwerpen

Prof. dr. Kris Laukens  
[kris.laukens@uantwerpen.be](mailto:kris.laukens@uantwerpen.be)

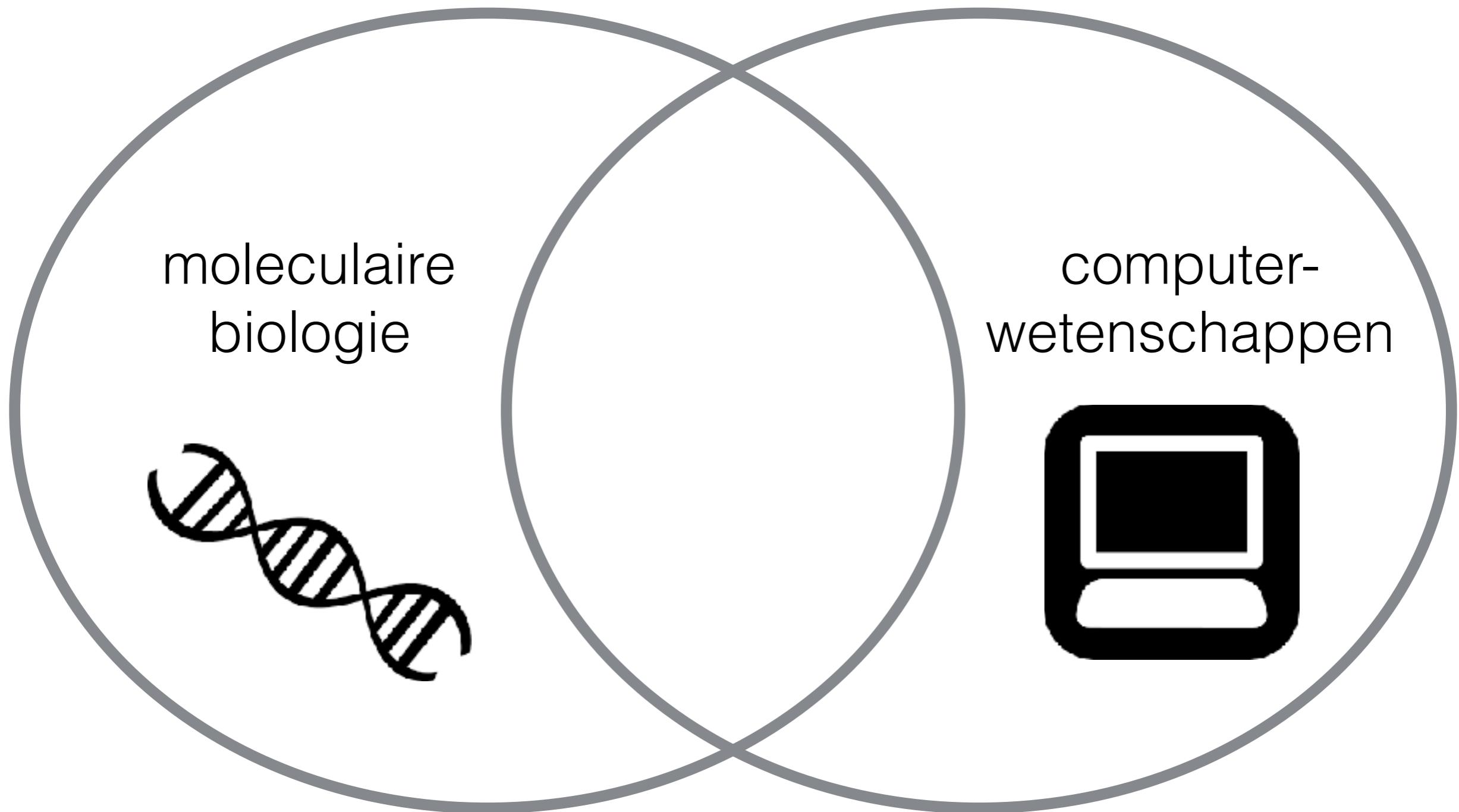
wat is bioinformatica?

# wat is bioinformatica?

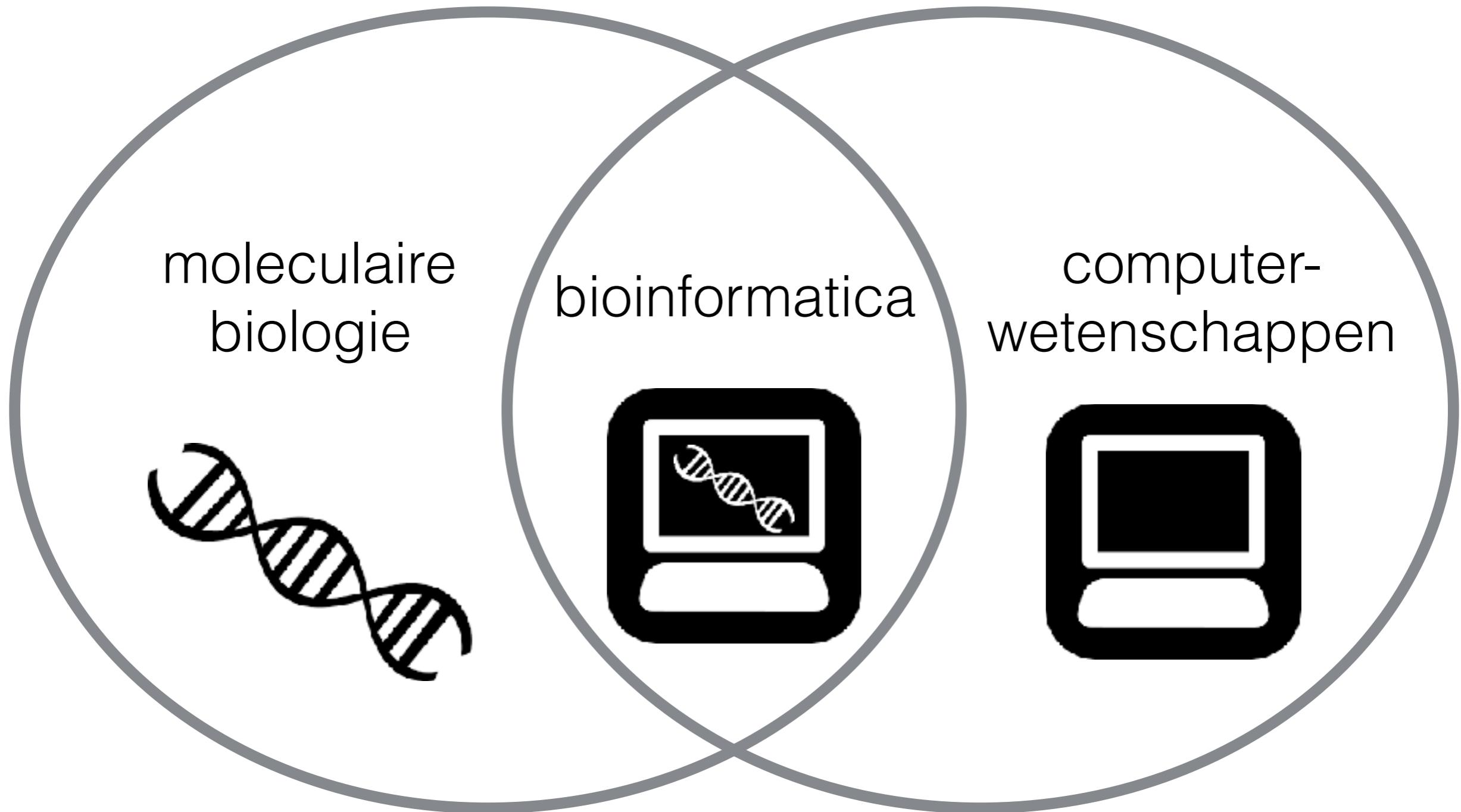
moleculaire  
biologie



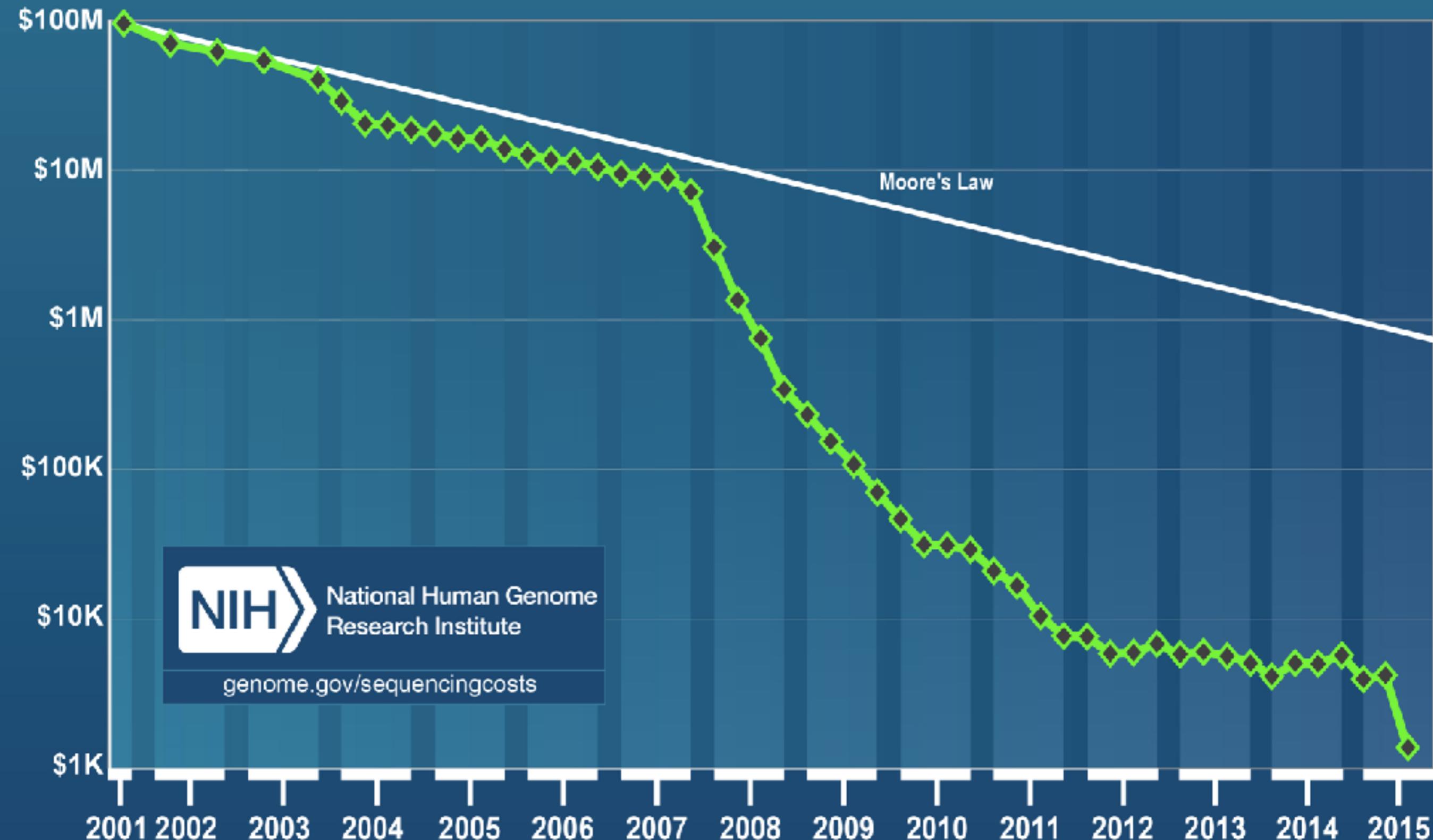
# wat is bioinformatica?



# wat is bioinformatica?



# *Cost per Genome*





WIKIPEDIA  
The Free Encyclopedia

Not logged in Talk Contributions Create account Log in

[Article](#) [Talk](#)

[Read](#) [Edit](#) [View history](#) [Search](#)



# 1000 Genomes Project

From Wikipedia, the free encyclopedia

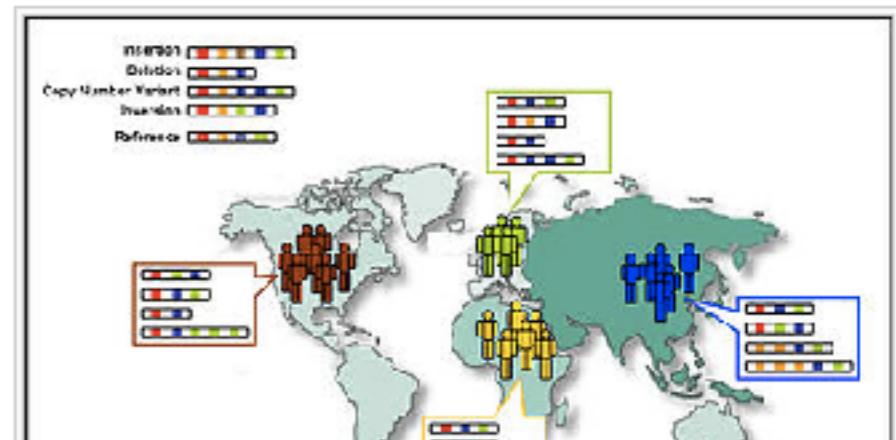
The **1000 Genomes Project**, launched in January 2008, was an international research effort to establish by far the most detailed catalogue of [human genetic variation](#). Scientists planned to sequence the genomes of at least one thousand anonymous participants from a number of different ethnic groups within the following three years, using newly developed technologies which were faster and less expensive. In 2010, the project finished its pilot phase, which was described in detail in a publication in the journal *Nature*.<sup>[1]</sup> In 2012, the sequencing of 1092 genomes was announced in a *Nature* publication.<sup>[2]</sup> In 2015, two papers in *Nature* reported results and the completion of the project and opportunities for future research.<sup>[3]</sup> Many rare variations, restricted to closely related groups, were identified, and eight structural-variation classes were analyzed.<sup>[4]</sup>

The project unites multidisciplinary research teams from institutes around the world, including China, Italy, Japan, Kenya, Nigeria, Peru, the United Kingdom, and the United States. Each will contribute to the enormous sequence dataset and to a refined human genome map, which will be freely accessible through public databases to the scientific community and the general public alike.<sup>[2]</sup>

By providing an overview of all human genetic variation, not only what is already known to be biomedically relevant, the consortium will generate a valuable tool for all fields of biological science, especially in the disciplines of [genetics](#), [medicine](#), [pharmacology](#), [biochemistry](#), and [bioinformatics](#).<sup>[5]</sup>

**Contents** [hide]

- 1 Background
  - 1.1 Human genetic variation
  - 1.2 Natural selection
- 2 Project description
  - 2.1 Goals
  - 2.2 Outline
  - 2.3 Human genome samples
  - 2.4 Community meeting
- 3 Project findings





About Us ▾ | 100,000 Genomes Project ▾ | Taking Part ▾ | For Healthcare Professionals ▾ | Research ▾ | Industry Partnerships ▾ | News & Events ▾



# Genomics England is delivering the **100,000 Genomes Project.**

We are creating a new genomic medicine service with the NHS – to support **better diagnosis and better treatments** for patients. We are also enabling medical research.

[More information about the 100,000 Genomes Project](#)

# Did you say millions of genomes?

---

BY DAWN FIELD

FEBRUARY 12TH 2015



**W**atching the field of genomics evolve over the past 20 years, it is intriguing to notice the word 'genome' cozying up to the word 'million'. Genomics is moving beyond 1k, 10k and [100k](#) genome projects. A new courtship is blossoming.

The Obama Administration has just announced a [Million Genomes Project](#) – and it's not even the first.

Now both Craig Venter and Francis Collins, leads of the [private and public versions](#) of the Human Genome Project, are working on their million-omes.

The company [23andMe](#) might be the first 'million-ome-aire'. By 2014, the company founded by Ann Wojcicki processed upwards of 800,000 customer samples. Pundit Eric Topol suggests in his article "[Who Owns Your DNA](#)" that without the skirmish with the FDA, 23andMe would already have millions.

[sign in](#)[register kit](#)

0

[welcome](#)[ancestry](#)[how it works](#)[research](#)[buy](#)[help](#)

# Find out what your DNA says about you and your family.

- Learn what percent of your DNA is from populations around the world
- Contact your DNA relatives across continents or across the street
- Build your family tree and enhance your experience with relatives

[order now](#)

\$99



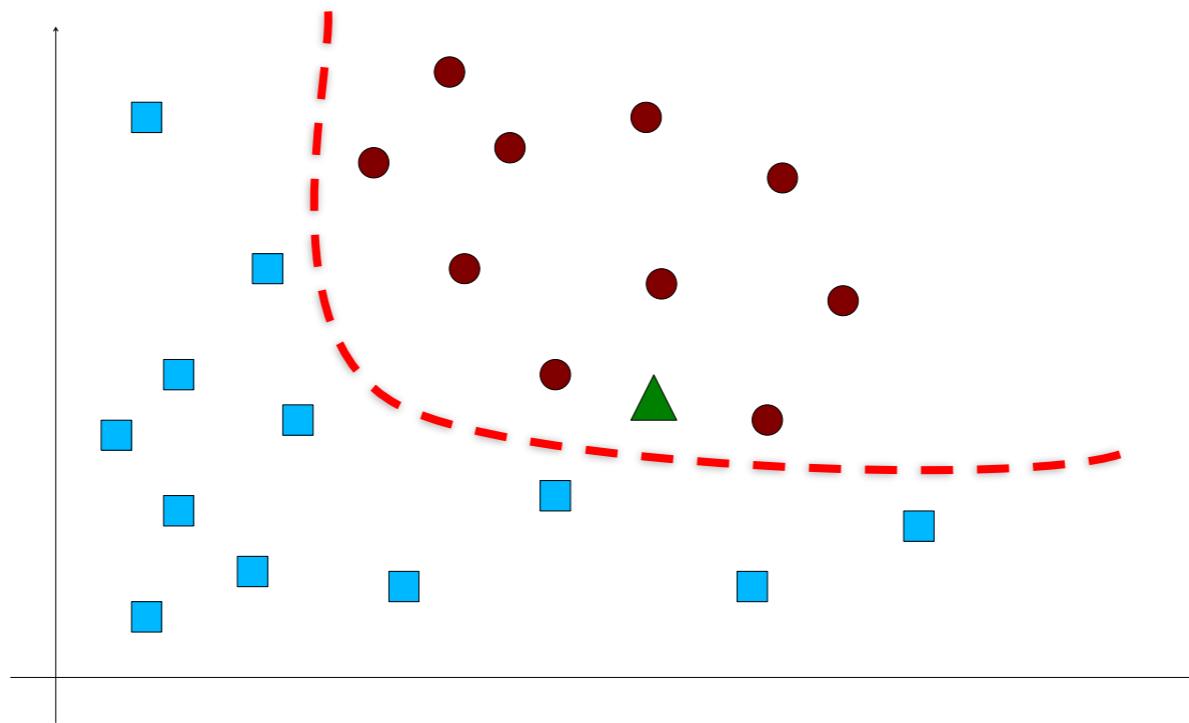
# data science

- wetenschapsdomein dat toelaat om kennis en inzichten uit grootschalige gestructureerde en ongestructureerde data te extraheren.
- gerelateerde domeinen: statistiek, artificiële intelligentie, modelling



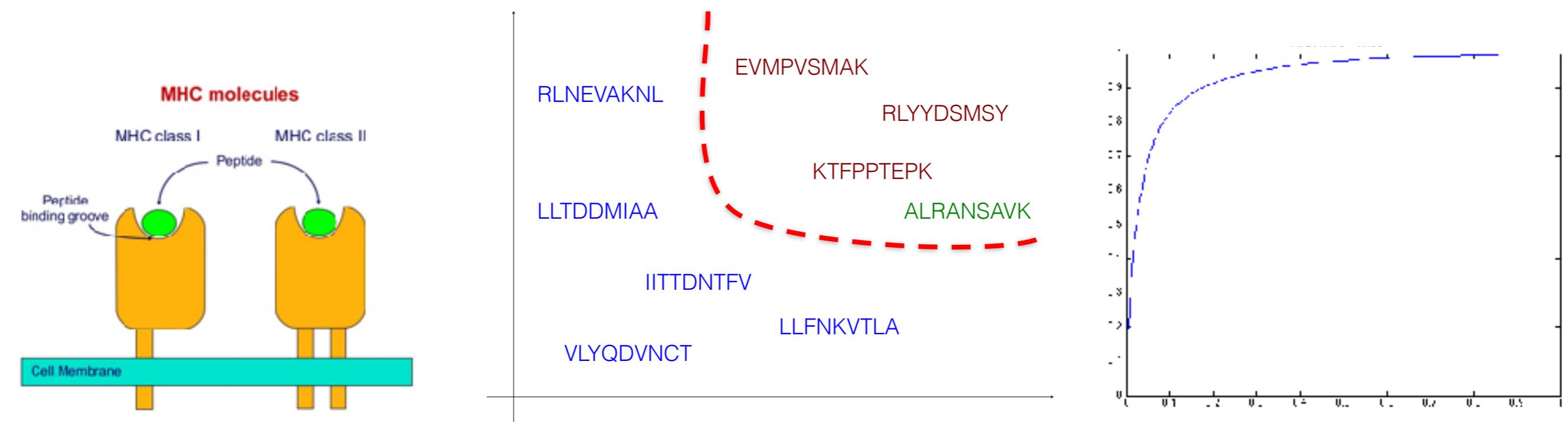
enkele voorbeelden uit  
ons onderzoek

# Diagnostiek tumoren



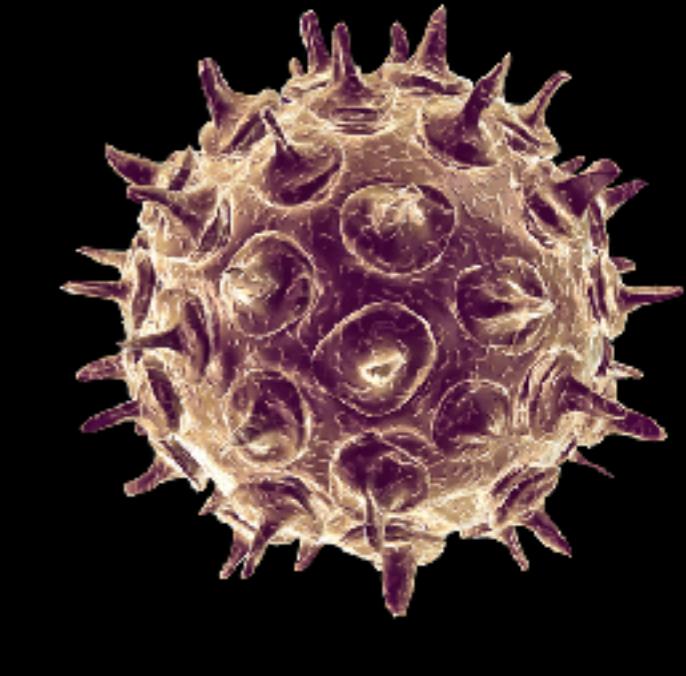
Tumoren gediagnostiseerd aan de hand van moleculaire profielen patient.

# Hoe groot is jouw kans op neveneffecten bij een infectie?



Ons model voor herkenning van viraal deeltje door immuunsysteem voorspelt kans op complicaties gordelroos.

# Hoe verstoppen virussen zich voor ons immuunsysteem?



Onderzoekers ontdekken hoe virus zich gedraagt  
**UA ontmaskert windpokken**

Onderzoekers van de Universiteit Antwerpen zijn meer te weten gekomen over de oorzaak van windpokken en gordelroos. Hun ontdekkingen kunnen de vaccinaties verbeteren.

• Het virus dat aan de grondslag ligt van windpokken en gordelroos (een huidziekte die vooral bij zestigplussers voorkomt), is ons afweersysteem vaak te slim af. Als onze afweer niet tijdig in gang schiet, worden we ziek. Wetenschappers van de Universiteit Antwerpen hebben het spelletje dat de virussen met ons lichaam spelen nu beter doorgrond. "We hebben innovatieve infor-



Professor Kris Laukens.

maticamodellen op het virus losgelaten", zegt professor Kris Laukens van de Universiteit Antwerpen. "Uit heel veel bekende gegevens hebben we nieuwe informatie gehaald. We doen dat op dezelfde manier zoals bijvoor-

beeld Google en Facebook informatie halen uit hun sociale netwerken. Door deze toepassing hebben we een mechanisme ontdekt waarmee het virus zich kan verbergen voor ons immuunsysteem. Dat mechanisme was nog onbekend. Dankzij deze ontdekking kunnen we de meest effectieve doelwitten selecteren voor de aanmaak van nieuwe en betere vaccins."

Het is nog niet duidelijk wanneer de vaccins tegen windpokken en gordelroos zullen worden verbeterd. Farmabedrijven en biomedici kunnen de informatie van de Universiteit Antwerpen nu gebruiken om verder onderzoek te doen. (ewil)

NATUUR • TECHNOLOGIE • GEZONDHEID • VOEDING • RUITMTE • PSYCHE & BREIN • GESCHIEDENIS •

TRACÉ • BLOGS

Gezondheid

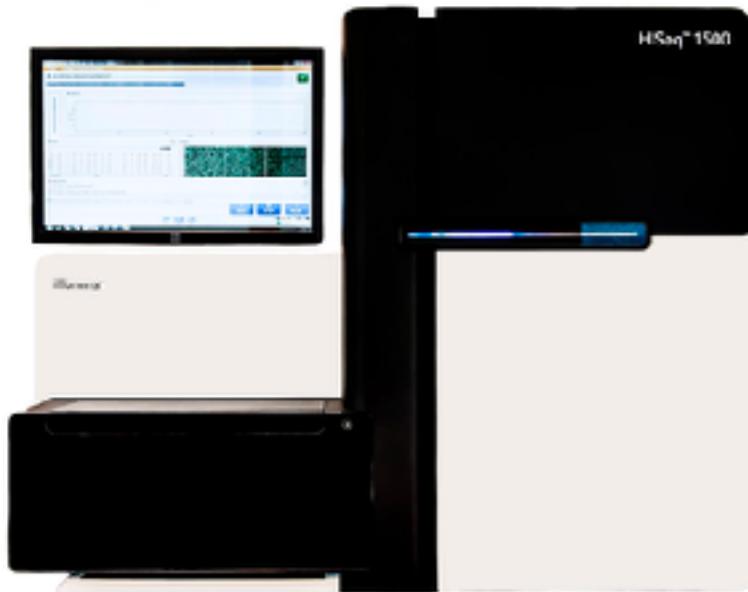
## Bioinformatici ontmaskeren windpokkenvirus

23 juni 2016 · door Eos-redactie

Antwerpse wetenschappers slaagden erin een mechanisme bloot te leggen waardoor de veroorzaker van windpokken en gordelroos zich kan 'verbergen'.



# Hoe herkent ons immuunsysteem een indringer?

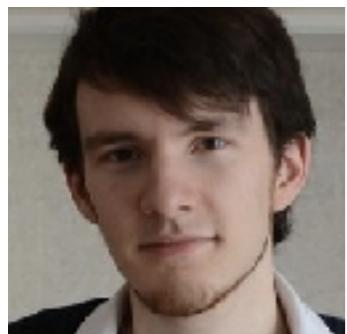


Immunogenetics  
DOI 10.1007/s00251-017-1023-5

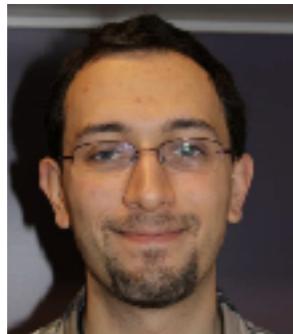
ORIGINAL ARTICLE

**On the feasibility of mining CD8+ T cell receptor patterns underlying immunogenic peptide recognition**

Nicolas De Neuter<sup>1,2,3</sup> • Wout Bittremieux<sup>1,2</sup> • Charlie Beirnaert<sup>1,2</sup> • Bart Cuypers<sup>1,2,4</sup> • Aida Mrzic<sup>1,2</sup> • Pieter Moris<sup>1,2</sup> • Arvid Suls<sup>3,5,6</sup> • Viggo Van Tendeloo<sup>3,7</sup> • Benson Ogunjimi<sup>3,7,8,9,10</sup> • Kris Laukens<sup>1,2,3</sup> • Pieter Meysman<sup>1,2,3</sup>



N. De Neuter



dr. P. Meysman

**GAZET VAN ANTWERPEN** **DE REDACTIE.BE** **DeMorgen.**

## Antwerpse onderzoekers kraken de codes van ons immuunsysteem

Onderzoekers van de Universiteit Antwerpen hebben ontdekt hoe ons immuunsysteem ziektes ontdekt en afweert. Daarvoor maakten ze gebruik van ‘datamining’, het verwerken van grote gegevensbestanden in specifieke computermodellen. - 18 August 2017

# Voorstellen complicaties transplantaties



Onze modellen kunnen kans op complicaties bij transplantaties inschatten.

# Zelfs toepassingen in dierentuinen

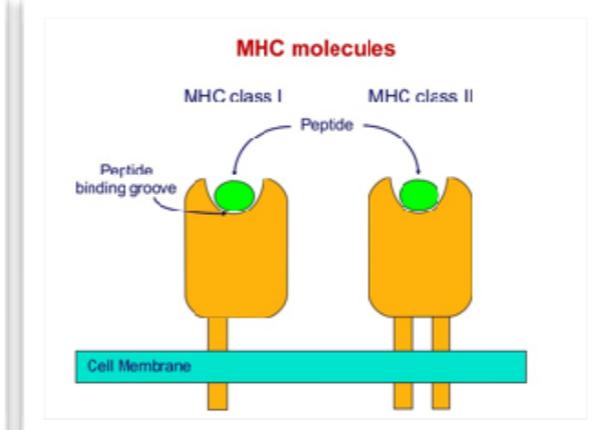
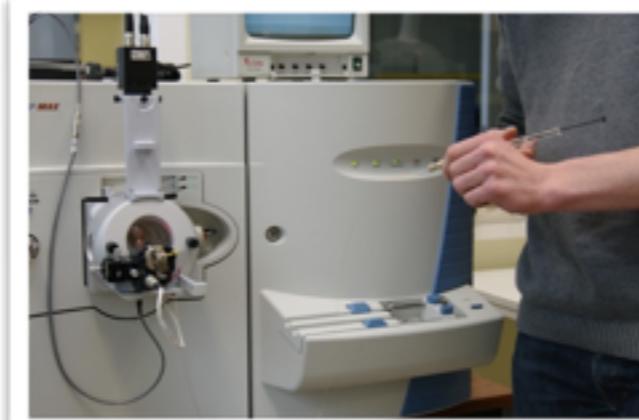
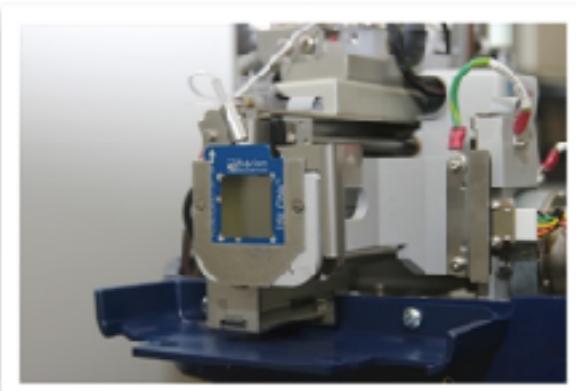


Onze modellen worden momenteel geëvalueerd om infectie-risico's en immuun-compatibiliteit op dierentuinpopulaties in te schatten.

# Voorspellen sepsis in neonatale zorgen



Voorspellen van levensbedreigende sepsis bij neonatale babies op basis van monitoring gegevens.



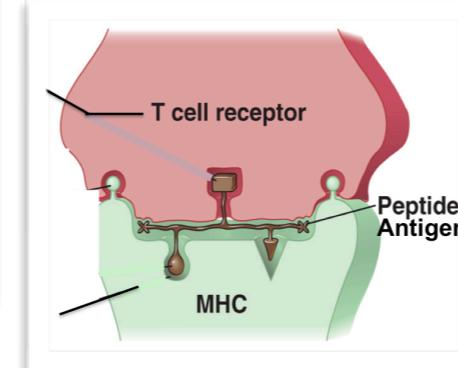
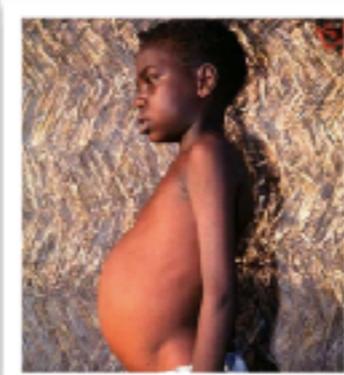
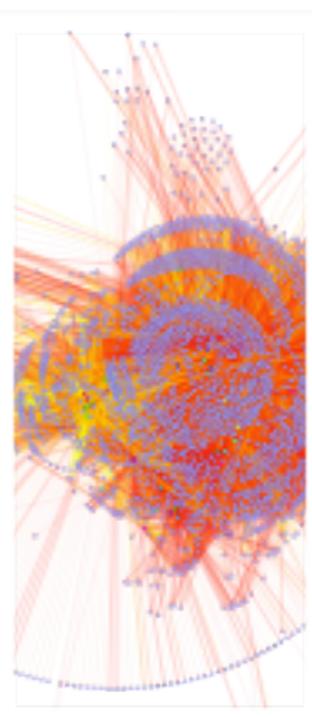
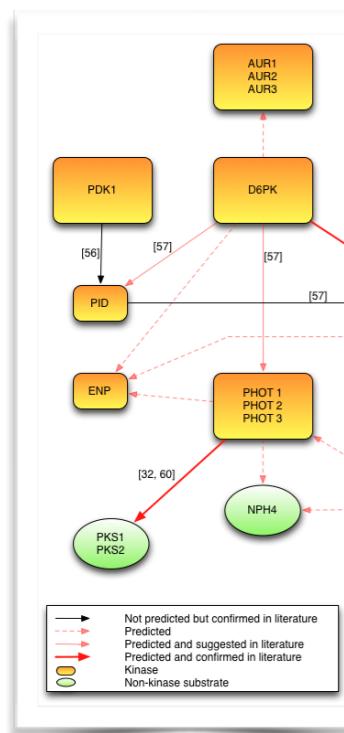
**GAZET VAN ANTWERPEN** NIEUWS SPORT VROUWEN GELETTE

**GEVONDEN**

**De Block: 'Meer onderzoek nodig naar windpokken'**

21/06/2015 om 14:03 door art.elp | Foto: EBCA

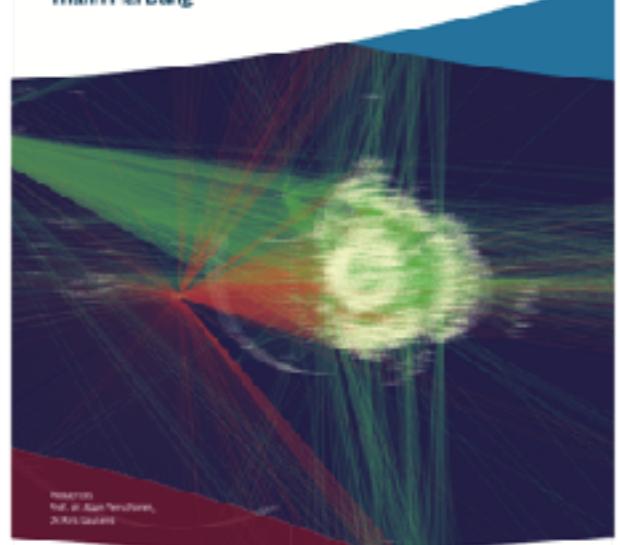
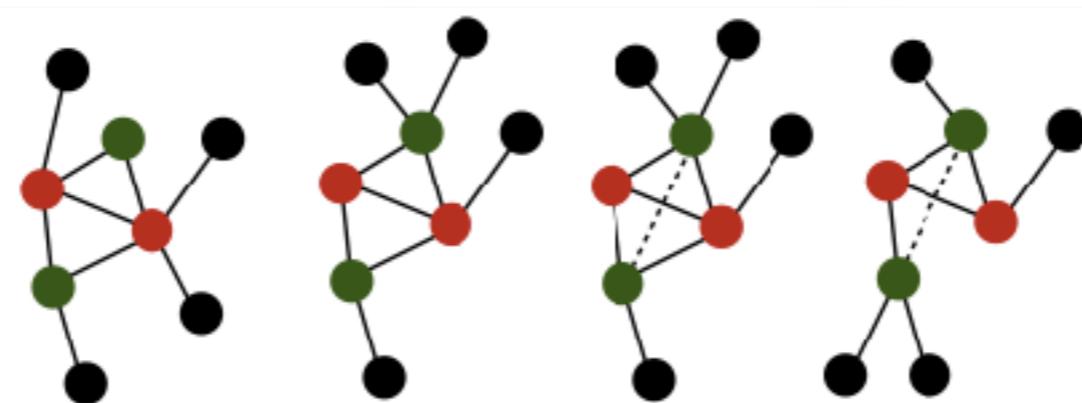
**Foto**



**Modeling post-translational protein modifications using Conditional Random Fields**

Post-translational modifications are included via ChEMBL or ProteinProtein Interaction, and the UniProtKB database to calculate these.

Thanh Hai Dang



# toekomstperspectieven

- domein kent razendsnelle groei:
  - nu al tekorten op arbeidsmarkt
  - steeds meer moleculaire gegevens die vaak automatisch gegenereerd worden!
- maakt deel uit van twee revoluties:
  - big data
  - biotechnologie

# bioinformaticus worden?

- Bioinformatica vereist kennis in:
  - informatica, wiskunde, statistiek
  - biologie, biochemie, geneeskunde
- Uitgesproken “interdisciplinair”!
- Verschillende manieren om in dit domein terecht te komen...

Meet the **biomina** bio-data mining team...



... part of Adrem Data Lab  
@ dept. Mathematics & Computer Science