



# L'information biologique à l'ère des données massives

**Jacques van Helden**  
(Aix-Marseille Université)



La charnière du 20<sup>e</sup> au 21<sup>e</sup> siècle a marqué un changement d'échelle pour la biologie, qui est passée du gène au génome ... Le séquençage massivement parallèle est utilisé pour analyser le génome de millions d'individus, détecter les risques de maladies génétiques et proposer des thérapies individualisées (médecine génomique). Il permet également d'explorer la biodiversité des environnements marins et terrestres (génomique et métagénomique environnementale), et de retracer l'évolution des organismes vivants.

Cependant, la disponibilité de données massives ne suffit pas : comprendre le fonctionnement d'un système aussi complexe qu'un organisme vivant ou même une cellule, nécessite d'extraire les informations pertinentes, de les interconnecter, et de les interpréter, en développant des approches pluridisciplinaires à la frontière de la biologie, des mathématiques et de l'informatique.

Cet exposé présentera l'état de l'art des avancées et des défis de la génomique.

**Samedi 15 février 2025, de 10h00 à 11h30**  
Campus Plaine, Forum, **Auditoire E**

*Entrée : 5 €, gratuit pour les étudiants et les membres d'Altair*