



ELSEVIER

Available online at www.sciencedirect.com

SCIENCE @ DIRECT®

C. R. Biologies 326 (2003) 457–458



COMPTES RENDUS

BIOLOGIES

Modélisation et simulation des processus biologiques dans le contexte de la génomique

(Une sélection de contributions présentées au colloque d'Autrans,
France, du 18 au 21 mars 2002, organisé sous les auspices du
Génope® d'Évry)

Modelling and simulation of biological processes in the context of genomics

(A selection of contributions presented at the meeting in Autrans,
France, 18–21 March 2002, as organised under the auspices of
Genopole®, Évry, France)

Avant-propos

Mais les biotechnologies seront finalement mieux servies, et plus utilement, en suivant l'esprit d'Eddington, en s'efforçant de donner suffisamment de temps et d'espace intellectuel à ceux qui veulent s'investir dans l'exploration de niveaux au-delà du génome indépendamment de toute promesse rapide de solutions encore plus rapides à des problèmes extrêmement complexes (R.C. Strohmman, Nat. Biotechnol. 15 (1997) 199).

Quels sont les traits essentiels du nouveau contexte scientifique dans lequel la modélisation biologique et la simulation vont désormais évoluer ? Le projet global de biologie à haut rendement peut être résumé comme suit. Après le séquençage du génome vient l'annotation par des moyens de bio-informatique classique. Il devient alors important d'interpréter les annotations, de comprendre les interactions entre les fonctions biologiques, de prévoir l'effet de perturbations, tout en incorporant les résultats d'études de post-génomique (bien entendu, séquençage et annotation ne s'arrêtent

Foreword

But Biotechnology will ultimately and usefully be better served by following the spirit of Eddington, by attempting to provide enough time and intellectual space for those who want to invest themselves in exploration of levels beyond the genome independently of any quick promises for still quicker solutions to extremely complex problems (R.C. Strohmman, Nat. Biotechnol. 15 (1997) 199).

What are the salient features of the new scientific context within which biological modelling and simulation will evolve from now on? The global project of high-throughput biology may be summarised as follows. After genome sequencing comes the annotation by 'classical' bio-informatics means. It then becomes important to interpret the annotations, to understand the interactions between biological functions, to predict the outcome of perturbations, while incorporating the results from post-genomic studies (of course, sequencing and annotation do not stop when simulation comes into the picture). At that stage, a tight interplay

pas lorsque la simulation entre en jeu). À ce stade, une étroite interaction entre le modèle, la simulation et l'expérimentation est cruciale, comme le montrent les programmes de recherche très actifs et soutenus financièrement de manière substantielle qui ont été lancés au Japon et aux États-Unis. Ce développement scientifique ne peut se faire qu'à long terme.

Vingt scientifiques d'origines géographiques et de disciplines scientifiques diverses ont commencé en janvier 2001 à affronter ces défis dans le cadre d'un stimulant *workshop* d'un an lancé et soutenu par le Génopole®. Certains d'entre eux étaient à l'origine plus familiers du domaine de la modélisation/simulation, tandis que d'autres étaient impliqués dans divers aspects de la (post-)génomique. Après 14 mois de travail, ils se rassemblèrent lors d'un petit séminaire multidisciplinaire à Autrans (Isère, France), ouvert à tous et organisé par Patrick Amar, François Kepes, Vic Norris et Philippe Tracqui. Les orateurs du colloque étaient invités à écrire une contribution originale. Un projet a été mis à la disposition des participants au séminaire en mars 2002, en même temps que des cours de haut niveau écrits par les scientifiques impliqués dans le *workshop* d'un an. Après révision et expertise, ces contributions ont été réunies dans ce numéro.

Nous sommes redevables envers les auteurs des articles publiés dans ce numéro pour avoir préparé au pied levé une première version de leurs manuscrits avant le colloque, et pour les avoir patiemment améliorés au cours des mois qui ont suivi. Nous remercions les *sponsors* de ce séminaire d'avoir permis à tous les participants de partager leur enthousiasme et leurs idées de manière aussi constructive. Il s'agissait de l'IMPG (programme du CNRS *Informatique, mathématiques et physique pour la génomique*), Génopole®, EDIV (école doctorale *Ingénierie pour le Vivant* de l'université Joseph-Fourier de Grenoble, France), l'IMAG (Institut de mathématiques appliquées de Grenoble) et la SFBT (Société francophone de biologie théorique). Nos remerciements vont aussi particulièrement à Hélène Pollard et à Paul Soler de Génopole® Recherche, ainsi qu'à Marie-Louise Champigny, secrétaire scientifique des *Comptes rendus Biologies*, qui ont constamment soutenu nos efforts.

François Kepes, Philippe Tracqui, Michel Thellier

between model, simulation and bench experimentation is crucial, as exemplified by the very active and substantially supported research programmes launched in Japan and in the USA. This scientific development is necessarily a long-term trend.

Twenty scientists from various (geographic and scientific) areas started in January 2001 to face these challenges in a stimulating year-round workshop that was initiated and supported by Génopole®. Some of them were initially more familiar with the field of modelling/simulation, while others were involved in various aspects of (post-)genomics. After 14 months of work, they held a small multidisciplinary seminar in Autrans (Isère, France), which was open to everybody and was organised by Patrick Amar, François Kepes, Vic Norris and Philippe Tracqui. The speakers of the meeting were invited to write an original contribution. A draft was made available to the seminar participants in March 2002, together with high-level courses written by the scientists of the year-round workshop. Following revision and peer review, these contributions have been gathered in this issue.

We feel indebted toward the authors of the articles in this issue for preparing at short notice a first version of their manuscript before the meeting, and for patiently improving it in the following months. We thank the sponsors of this seminar for making it possible for all the participants to share their enthusiasm and ideas in such a constructive way. They were IMPG (CNRS action '*Informatique, mathématiques et physique pour la génomique*'), Génopole®, EDIV (Doctoral School '*Ingénierie pour le Vivant*' of the University Joseph-Fourier in Grenoble, France), IMAG ('Institut de mathématiques appliquées de Grenoble') and the SFBT ('Société francophone de biologie théorique'). Our special thanks go to Hélène Pollard and Paul Soler of Génopole® Recherche, and to Marie-Louise Champigny, Scientific Secretary of the journal *Comptes rendus Biologies*, who have always been so supportive of our efforts.

François Kepes, Philippe Tracqui, Michel Thellier