

http://www.lemonde.fr/societe/article/2001/07/11/jean-loup-risler-genomique-et-informatique_207487_3224.html

Jean-Loup Risler

Né le 30 avril 1943

Jean-Loup Risler est biophysicien et bio-informaticien

Il est directeur de recherche au CNRS

Ingénieur ESPCI

Docteur ès sciences, spécialité biophysique, faculté d'Orsay (1973)

Post-doc au MRC laboratory of Molecular Biology, Cambridge

Parcours

Travaux de thèse (enzymologie) réalisés dans le laboratoire de Françoise Labeyrie à Gif-sur-Yvette au centre de génétique moléculaire (dirigé par Piotr Slonimski)

Pendant dix ans, études structurales des protéines par diffraction des rayons X (structure de la méthionyl-tRNA synthétase) dans le laboratoire de Vittorio Luzzati

Premiers travaux bio-informatiques sur les séquences en 1985. Participe la même année, avec Alain Hénaut, à la création du DESS "informatique appliquée à la biologie"

En 1995, quitte Gif-sur-Yvette et crée avec A. Hénaut le laboratoire "génomique et informatique" à l'université de Versailles

Rejoint en 2001 la genopole d'Evry

Publications

Articles dans des revues spécialisées nationales et internationales

Spécialités

Ses travaux portent sur :

- l'évolution des protéines (avec accent sur le point de vue structural) et plus particulièrement des aminoacyl-tRNA synthétases
- l'étude des séquences protéiques déduites des séquences génomiques complètes et de leurs propriétés en relation avec l'usage des codons
- ;la comparaison systématique in silico des protéomes de différentes espèces, étude des familles multigéniques.
- l'annotation des séquences génomiques par homologie
- l'étude de quelques problèmes liés au dépouillement des expériences d'hybridation (puces à ADN, transcriptome)

Conférence de J L Risler à l'université de tous les savoirs Le Monde 11 juillet 2011

"Génomique et informatique"

La presse généraliste, et bien entendu la presse spécialisée, se font régulièrement l'écho du séquençage complet d'un nouveau génome. Il est cependant impossible pour le grand public de se rendre compte à quel point les choses vont vite : sont disponibles actuellement les séquences complètes des génomes de 51 bactéries et de 4 organismes multicellulaires, cependant que sont en cours les séquençages de 210 (!) génomes bactériens et de nombreux organismes supérieurs (rat, souris, chimpanzé et plusieurs plantes en particulier).

Pour le non-spécialiste, il n'est pas non plus facile d'imaginer le rôle crucial de l'informatique dans le processus conduisant à la connaissance de la séquence complète d'un génome. En fait, l'ordinateur joue un rôle central à toutes les étapes, depuis la gestion des données brutes dans les centres de séquençage jusqu'à l'assemblage final de la séquence complète, la recherche des gènes et la mise à disposition des résultats dans des banques spécialisées.

Si l'on définit la génomique comme étant "le séquençage des génomes puis tout ce que l'on peut en tirer", alors à coup sûr il n'y aurait pas de génomique sans informatique. Certes, et l'on ne peut que s'en féliciter, le dernier mot revient toujours au biologiste. Mais il n'est pas faux d'affirmer que grâce - entre autre - à l'informatique, notre vision des génomes et de leur évolution a été bouleversée. Plus les séquences s'accumulent et plus la fameuse image de F. Jacob concernant "le bricolage de l'évolution" s'avère pertinente.

Pour le biologiste que je suis, et sans doute pour la majorité des gens, l'apport principal de la génomique est de nous donner des pistes pour répondre aux questions classiques et lancinantes "qui suis-je, d'où viens-je, où vais-je ?" grâce à la comparaison des séquences de différents génomes. Ces comparaisons ont le mérite de remettre les choses à leur place et de nous rappeler le devoir d'humilité : que notre génome ne comporte guère que deux fois plus de gènes que celui d'un ver microscopique ne flatte sans doute pas notre ego et nous montre bien l'étendue de notre ignorance.

D'un point de vue plus pratique, c'est la connaissance de la batterie complète des gènes d'un organisme qui permet de réaliser des "puces à ADN" grâce auxquelles des kits de diagnostic simples et efficaces peuvent être mis au point - après toute une série d'analyses informatiques non triviales. C'est certainement une bonne nouvelle pour le thérapeute. A nous cependant de

veiller à ce que leur usage ne soit pas indûment détourné à des fins de "sélection" inadmissibles. A nous également de faire le tri entre le possible et les promesses prématurées de thérapie génique triomphante.

Il est clair que la "génomique" est source de progrès incontestables dans la connaissance pure et dans ses applications. Il n'en reste pas moins, et la chose est banale, qu'elle soulève de nombreuses questions morales ou éthiques : elles ne sont pas près d'être résolues tant l'ampleur des aspects financiers qui en découlent fausse le débat, qui n'est d'ailleurs pas simple