

RESUME :

L'hépatite C est une pandémie qui touche 170 millions de personnes (OMS 1999). Elle est causée par un virus de la famille des *Flaviviridae*. Une difficulté pour l'étude de ce virus est qu'il n'existe pas de système de culture efficace de celui-ci. Il n'est donc connu que d'après son génome qui présente une variabilité génétique à l'origine de l'existence de quasi-espèces virales au sein d'un même hôte. De plus, les séquences virales sont classées en 6 clades et de nombreux sous-types qui sont en relation avec la gravité de la maladie ou la résistance au traitement interféron-ribavirine. Afin d'analyser cette variabilité et d'établir les corrélations entre séquences et pathologie, nous avons développé un outil intégré de bioinformatique virale et clinique qui réunit des méthodes d'analyses et une base de données de séquences du virus de l'hépatite C (VHC). La base, accessible sur le Web (<http://hepatitis.ibcp.fr>), regroupe plus de 10000 séquences extraites chaque mois depuis l'EMBL et s'articule autour de 5 modules : (1) HCVWEB est l'interface Web générale qui donne accès aux autres modules, (2) HCVDB comprend les différentes bases de séquences du VHC et les outils de gestion associés, (3) HCVFORM contient les formulaires de dépôts des données cliniques disponibles dans la base privée accessible aux membres du Réseau National Hépatites, (4) HCVSRS permet l'interrogation par mots-clefs, et (5) HCVSA est le module d'analyse de séquence pour lequel le serveur NPS@ (<http://npsa-pbil.ibcp.fr>) a été développé. NPS@ intègre dans une interface Web conviviale et simple 28 méthodes bioinformatiques d'analyses (*e.g.* BLAST, CLUSTAL W, PHD, SOPM) des séquences et des structures des macromolécules biologiques et 12 bases de séquences, de sites et de structures. Il traite chaque jour 2000 analyses. NPS@ et HCVDB forment un ensemble cohérent et sont des outils de référence pour rationaliser les recherches du biologiste et du virologue.

DISCIPLINE :

Bioinformatique : Analyse de Génomes et Modélisation Moléculaire

MOTS-CLES :

VHC ; Hépatite C; Internet; Analyse de séquences; Structures tridimensionnelles des protéines; Bioinformatique; Base de données; Modélisation moléculaire

LABORATOIRE :

Laboratoire de Bioinformatique et RMN Structurales
Pôle BioInformatique Lyonnais – Site Lyon-Gerland
Institut de Biologie et Chimie des Protéines
UMR 5086 – CNRS – UCBL
7, passage du Vercors
69367 Lyon CEDEX 07