

BIOMINA

BIOMEDICAL INFORMATICS NETWORK ANTWERP



BIOMINA is dé expertise hub voor bio-informatica. Kernfaciliteit manager Andrea Bours licht toe wat dit interdisciplinaire netwerk van datawetenschappers en *life scientists* zo uniek maakt en hoe de expertise die er gebundeld wordt bedrijven vooruit helpt:

“Nieuwe technieken in de biomedische wetenschappen, de beweging richting digitale gezondheidszorg en de opkomst van AI zorgen ervoor dat we steeds meer geconfronteerd worden met als maar grotere en complexere datasets. Deze zijn pas waardevol wanneer ze goed verwerkt en geïnterpreteerd worden. Dat vereist gespecialiseerde computertechnieken, maar uiteraard is niet iedereen die actief is in de *life sciences* ook thuis in de bio-informatica. Of het nu gaat om data

gegenereerd uit biomedisch, klinisch of biologisch onderzoek; bedrijven, ziekenhuizen en onderzoekscentra kunnen stuk voor stuk bij ons terecht voor de transformatie van hun geproduceerde data in heldere inzichten.

BIOMINA is al jaren actief op het raakvlak tussen data en *life sciences*, resulterend in een sterke kennissamenleving van bio-informatici. De kennis en

gespecialiseerde technieken die we in die tijd ontwikkelden, bieden we als dienst aan bedrijven. Dat doen we via onderzoekssamenwerkingen, aan de hand van trainingen of door ondersteuning in de verschillende fases van een project, gaande van het experimentele ontwerp, de analyse tot de interpretatie van resultaten.

We staan tot slot zeer dicht bij de innovaties in het onderzoeksveld van de datawetenschappen. Daardoor kunnen

we heel snel de vertaalslag maken naar nieuwe trends, hun toepassingen inschatten op *life sciences* vraagstukken en steeds de nieuwste technieken toepassen.”

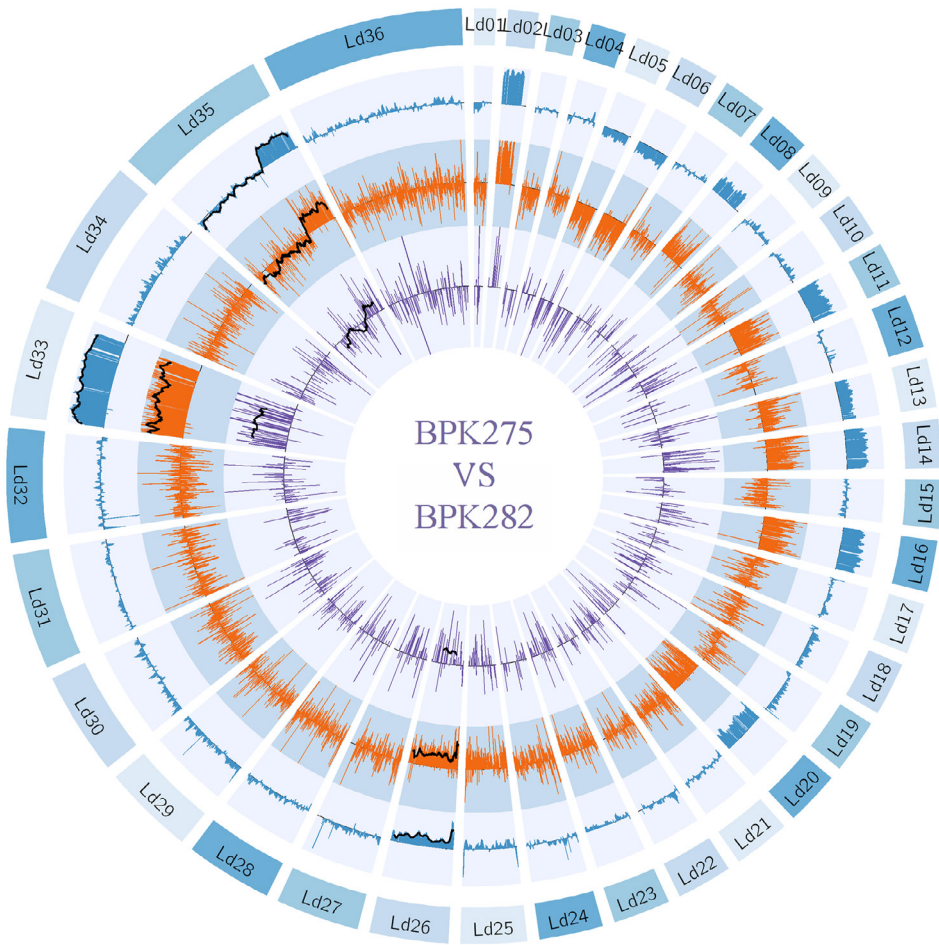
Benieuwd hoe BIOMINA kan helpen met de analyse en/of interpretatie van jouw data? Bespreek het met Andrea Bours.


Kernfaciliteit UAntwerpen
Actief in Health & Environment

- Bedrijven, ziekenhuizen en onderzoekscentra kunnen stuk voor stuk bij ons terecht voor de transformatie van hun geproduceerde data in heldere inzichten.

Via een multi-omics benadering kunnen we transcriptomics, proteomics en genomics combineren, resulterend in nieuwe inzichten.
© 2022 Cuypers, et al. PLOS Pathogens.

BIOMINA



 TCRex: a web tool for the prediction of TCR-epitope recognition

TCRex Home Instructions New epitopes Statistics About Contact Release notes

Welcome to TCRex!

TCRex predicts **TCR-epitope binding for human T cell receptors (TCRs)** using TCR beta chain information, i.e. the CDR3 amino acid sequence and the corresponding V/J genes. It is based on **random forest classifiers** trained on epitope-specific TCR data collected from the manually curated catalogue of pathology-associated T cell receptor sequences (**McPAS-TCR**), the VDJ database (**VDJdb**) and the **ImmuneCODE™** database. In total prediction models for 98 different epitopes, consisting of **93 viral** and **5 cancer epitopes**, are provided. Check the [statistics](#) page for detailed information about the performance of the individual prediction models.

Although TCRex supports a wide range of epitopes it might not include a prediction model for your epitope(s) of interest. However, in this case you can use our optimized machine learning and prediction workflow to train your own custom model using the [new epitopes](#) page.

In addition, TCRex can be used to perform epitope-specificity enrichment analyses to identify the epitopes that are targeted by the uploaded TCR data set.

Detailed information on how to use TCRex and interpret the results is provided on the [instructions](#) page.

Predict TCR-epitope binding

Select your TCR sequence data file: No file selected.

TCRex supports sequence data information in the TCRex format, the MIXCR format, and the immunoSEQ ANALYZER format (version 1 & 2).
Attention: TCRex only supports prediction files with at most 50 000 TCR sequences.

Select epitope(s)

Select the model version: 2022-12-06

Viral Cancer

CMV Melanoma

IPSINVHHY NLVPMVATV QIKVRVKMV AMFWSVPTV EAAGIGILTV ELAGIGILTV

QYDPVAALF TPRVTGGGAM VTEHDTLLY FLYNLLTRV

YSEHPTFTSQY LLLGIGILV

Multiple Myeloma

TCRex is een web tool dat machine learning gebruikt om TCR-epitomen te herkennen, ontwikkeld in samenwerking met BIOMINA.
© 2018 Gielis, et al. TCRex.

BIOMINA is ...

Bio-informatica · Biomedische data sciences · Biomedische informatica · AI · Machine learning · Genomics · Transcriptomics · Proteomics · Big data · Digital Health · Software · Interdisciplinair netwerk

BIOMINA

► **BIOMINA heeft mijn werk echt in een stroomversnelling gebracht en mijn onderzoeksactiviteiten geherdefinieerd.**

Aan het woord Prof. dr. Benson Ogunjimi, Universitair Ziekenhuis Antwerpen en VAXINFECTIO-PO (UAntwerpen)

Onderzoeksgroepen en expertises

BIOMINA is ontstaan vanuit de UAntwerpen en het Universitair Ziekenhuis Antwerpen.

Binnen de universiteit bundelen we expertise van drie faculteiten:

- Faculteit Geneeskunde & gezondheidswetenschappen
- Faculteit Farmaceutische, biomedische en dierengeneeskundige wetenschappen
- Faculteit Wetenschappen

Doordat BIOMINA opgericht werd als netwerk, wordt er als het ware over de grenzen van de faculteiten heen gewerkt en versnippering van expertise tussen faculteiten en onderzoeksgroepen tegen gegaan. Zo kan er voor elke vraag die bij BIOMINA binnenkomt altijd wel iemand binnen het netwerk worden gevonden, met de geschikte expertise en achtergrond.

Daarnaast wordt er nauw samengewerkt met andere kernfaciliteiten of structuren binnen UAntwerpen, waaronder bijvoorbeeld het Centre for Proteomics (verwerking van door hen gegenereerde data) en CalcUA / Vlaams Supercomputer Center (gebruik van de hardware die zij ter beschikking hebben).

Met het UZA bestaan al jaren samenwerkingen, waardoor BIOMINA heel wat ervaring kon opbouwen met de klinische praktijk. Tot slot hebben bepaalde samenwerkingen ook al geresulteerd in spin-offs, zoals ImmuneWatch.

Samenwerken kan via ...

Gezamenlijk onderzoek · Contractonderzoek · Doctoraten /
postdoctoraten · Gebruik van bio-informatische workflows ·
Mastertheses · Training op maat · Servicecontracten · Stages

Unieke kenmerken van onze apparatuur

BIOMINA ontwikkelt en beschikt over een scala van bio-informatische workflows die toelaten om data te verwerken tot inzichten, en heeft de expertise om deze workflows te gebruiken en de resultaten te interpreteren. Heel wat van deze workflows kunnen worden aangepast aan de noden van een bedrijf, of er kunnen workflows op maat worden ontwikkeld. Momenteel beschikt BIOMINA over workflows voor de analyse van genomische, transcriptomische en proteomische data, dit voor bulk tot single-cell sequencing. De workflows kunnen verschillende datasets met elkaar integreren en verder gebruikt BIOMINA machine learning en AI om data te analyseren.

BIOMINA werkt samen met allerlei (externe) partijen die beschikken over apparatuur om specifieke data te genereren.



Contact BIOMINA

Andrea Bours
Campus Middelheim
biomina@uantwerpen.be
www.biomina.be