

# Gérer le flot de protéines

Autor(en): **Roth, Patrick**

Objektyp: **Article**

Zeitschrift: **Horizons : le magazine suisse de la recherche scientifique**

Band (Jahr): - **(2006)**

Heft 70

PDF erstellt am: **22.07.2024**

Persistenter Link: <https://doi.org/10.5169/seals-551949>

## **Nutzungsbedingungen**

Die ETH-Bibliothek ist Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Inhalten der Zeitschriften. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern.

Die auf der Plattform e-periodica veröffentlichten Dokumente stehen für nicht-kommerzielle Zwecke in Lehre und Forschung sowie für die private Nutzung frei zur Verfügung. Einzelne Dateien oder Ausdrucke aus diesem Angebot können zusammen mit diesen Nutzungsbedingungen und den korrekten Herkunftsbezeichnungen weitergegeben werden.

Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Die systematische Speicherung von Teilen des elektronischen Angebots auf anderen Servern bedarf ebenfalls des schriftlichen Einverständnisses der Rechteinhaber.

## **Haftungsausschluss**

Alle Angaben erfolgen ohne Gewähr für Vollständigkeit oder Richtigkeit. Es wird keine Haftung übernommen für Schäden durch die Verwendung von Informationen aus diesem Online-Angebot oder durch das Fehlen von Informationen. Dies gilt auch für Inhalte Dritter, die über dieses Angebot zugänglich sind.

# Gérer le flot de protéines

Swiss-Prot enregistre, organise et analyse les résultats de milliers de groupes de recherche dans le monde. Il est ainsi possible de comparer des protéines connues avec de nouvelles qui viennent d'être découvertes. Un plus important pour la recherche. Texte : Patrick Roth ; Illustrations : Andreas Gefe

**III. 1** Par des procédés biochimiques et optiques, les chercheurs définissent en laboratoire la séquence des acides aminés d'une protéine qui vient d'être découverte. Ils déterminent ensuite notamment sa structure spatiale et ses interactions avec d'autres molécules ou protéines.

**III. 2** Dans le monde entier, des milliers de groupes de recherche en biologie, biochimie, pharmacie ou aussi en médecine ainsi que dans des secteurs apparentés cherchent à découvrir de nouvelles protéines. Leurs résultats sont publiés dans des revues scientifiques.



**III. 3** Le travail des chercheurs de Swiss-Prot débute à ce stade : ils reprennent les données d'une protéine indiquées dans une publication, les traitent puis les mettent à disposition des chercheurs du monde entier dans la banque de données Swiss-Prot accessible par Internet. Il s'agit autant d'un travail intellectuel que manuel. Parfois les résultats sont directement transmis par les chercheurs à la banque de données.

**III. 4** Swiss-Prot est une banque de données pourvue d'annotations, c'est-à-dire avec des informations additionnelles et des commentaires. Elle comprend non seulement les chaînes d'acides aminés et les références de

## Du génome à la protéomique

Après la « cartographie » de tous les gènes d'une espèce (génomique), le travail bioinformatique s'attaque aux questions liées à la protéomique. Cette discipline s'occupe de la structure et de la fonction des protéines. La protéomique livre des informations importantes pour la pharmacie et la médecine, par exemple concernant l'action d'un médicament sur certaines protéines ou quelles maladies peuvent être déclenchées par des mutations de protéines. La séquence des acides aminés des protéines permet de déduire l'évolution et le degré de parenté des êtres vivants actuels.

la littérature scientifique mais aussi des informations concernant la structure et la fonction des protéines. Les données sont régulièrement mises à jour avec les informations des publications les plus récentes.

**III. 5** Grâce à Swiss-Prot, des scientifiques du monde entier peuvent comparer la séquence d'acides aminés d'une protéine nouvellement découverte avec la séquence de toutes les protéines déjà connues. Une concordance (par ex. avec une protéine connue de la souris) fournira des indications sur la structure et la fonction de cette nouvelle protéine et celles-ci pourront être vérifiées au moyen de tests ciblés.

