Zeitschrift: Horizonte : Schweizer Forschungsmagazin
Herausgeber: Schweizerischer Nationalfonds zur Förderung der Wissenschaftlichen Forschung
Band: - (2006)
Heft: 70

Artikel: Die Fülle der Proteine ordnen
Autor: Roth, Patrick
DOI: https://doi.org/10.5169/seals-557253

Nutzungsbedingungen
Die ETH-Bibliothek ist die Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Zeitschriften und ist nicht verantwortlich für deren Inhalte. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern beziehungsweise den externen Rechteinhabern. Siehe Rechtliche Hinweise.

Conditions d'utilisation
L'ETH Library est le fournisseur des revues numérisées. Elle ne détient aucun droit d'auteur sur les revues et n'est pas responsable de leur contenu. En règle générale, les droits sont détenus par les éditeurs ou les détenteurs de droits externes. Voir Informations légales.

Terms of use
The ETH Library is the provider of the digitised journals. It does not own any copyrights to the journals and is not responsible for their content. The rights usually lie with the publishers or the external rights holders. See Legal notice.

Download PDF: 11.05.2025

ETH-Bibliothek Zürich, E-Periodica, https://www.e-periodica.ch

Die Fülle der Proteine ordnen

Swiss-Prot speichert, organisiert und analysiert die Resultate tausender Forschungsgruppen auf der ganzen Welt. Dadurch lassen sich neu entdeckte und bekannte Proteine miteinander vergleichen – ein grosser Gewinn für die Forschung. Text: Patrick Roth; Illustrationen: Andreas Gefe

Abb. 1 Mit Hilfe biochemischer und optischer Verfahren ermitteln Wissenschaftler im Labor die charakteristische Abfolge der Aminosäuren eines neu entdeckten Proteins. Sie bestimmen dessen räumlichen Aufbau und untersuchen, welche Stelle des Proteins mit anderen Molekülen interagiert, seine Wechselwirkungen mit anderen Proteinen etc.

Abb. 2 Tausende von Forschungsgruppen aus den Bereichen Biologie, Biochemie, Pharmazie, aber auch Medizin sowie aus verwandten Fachgebieten entdecken und erforschen weltweit neue Proteine. Ihre Erkenntnisse werden in wissenschaftlichen Journalen publiziert.

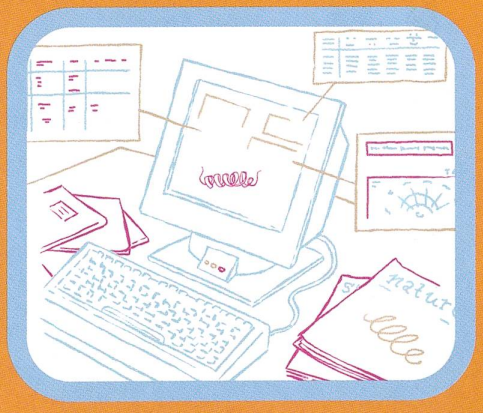
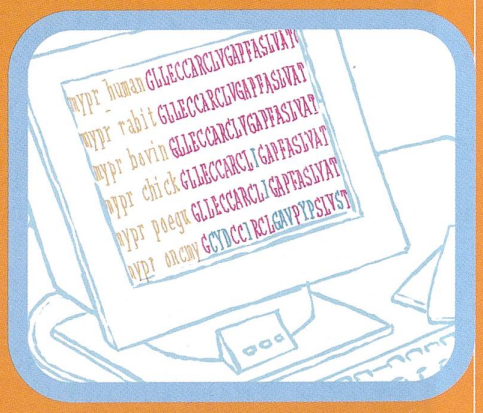


Abb. 3 Nun beginnt die Arbeit der Wissenschaftler von Swiss-Prot: Sie übernehmen die Daten eines Proteins aus den Publikationen und stellen sie Forschern weltweit in der geordneten Form von Swiss-Prot auf dem Internet zur Verfügung. Dies ist sowohl Kopf- als auch Handarbeit – in den wenigsten Fällen werden die neuen Erkenntnisse direkt von den Forschern an die Datenbank übermittelt.

Abb. 4 Swiss-Prot ist eine annotierte, d.h. mit zusätzlichen Informationen und Kommentaren versehene Datenbank. Sie enthält neben der Aminosäurenabfolge und Literaturreferenzen auch Informationen über Struktur und Funktion der Proteine. Zusätzlich stellt Swiss-Prot auch Software für die Analyse und den Vergleich von Proteinen zur Verfügung. Die Daten werden regelmässig mit Informationen aus neueren Publikationen und Reviews erweitert und aufgefrischt.

Abb. 5 Dank Swiss-Prot sind Wissenschaftler weltweit in der Lage, die Aminosäuresequenz eines neu gefundenen Proteins mit der Abfolge aller bislang bekannten Eiweisse zu vergleichen. Wird eine Übereinstimmung gefunden (z.B. mit einem bekannten Protein der Hausmaus), liefert dies Hinweise über Struktur und Funktion des neuen Eiweisses, die durch gezielte Tests auf ihre Richtigkeit überprüft werden können.



Vom Genom zur Proteomik

Nach der «Kartografierung» aller Gene einer Art (Genom) verlagert sich die bioinformatische Arbeit auf Fragen der Proteomik. Dieser Forschungszweig befasst sich mit Struktur und Funktion von Proteinen. Die Proteomik liefert wichtige Erkenntnisse für Pharmazie und Medizin, zum Beispiel wie ein Medikament auf verschiedene Proteine wirkt oder welche Erkrankungen durch fehlerhafte Proteine ausgelöst werden. Anhand der Aminosäurenabfolge in Proteinen können auch die evolutionäre Entwicklung und der Verwandtschaftsgrad heutiger Lebewesen abgeleitet werden.