

Zeitschrift: Horizons : le magazine suisse de la recherche scientifique
Herausgeber: Fonds National Suisse de la Recherche Scientifique
Band: - (1995)
Heft: 25

Rubrik: World Science : de l'ADN sur la ligne

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist die Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften auf E-Periodica. 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. Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen sowie auf Social Media-Kanälen oder Webseiten ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. [Mehr erfahren](#)

Conditions d'utilisation

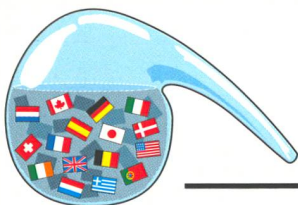
L'ETH Library est le fournisseur des revues numérisées. Elle ne détient aucun droit d'auteur sur les revues et n'est pas responsable de leur contenu. En règle générale, les droits sont détenus par les éditeurs ou les détenteurs de droits externes. La reproduction d'images dans des publications imprimées ou en ligne ainsi que sur des canaux de médias sociaux ou des sites web n'est autorisée qu'avec l'accord préalable des détenteurs des droits. [En savoir plus](#)

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. Publishing images in print and online publications, as well as on social media channels or websites, is only permitted with the prior consent of the rights holders. [Find out more](#)

Download PDF: 11.02.2026

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



De l'ADN sur la ligne

Dès qu'un biologiste détermine une séquence d'ADN ou de protéine, il se précipite sur son ordinateur qui est connecté, à travers le réseau des télécommunications, avec les banques de données du monde entier. Il peut ainsi comparer sa séquence avec celles qui ont déjà été répertoriées. Si elle ressemble à quelque chose de connu, il peut se faire une idée sur la fonction ou sur la structure de l'ADN ou de la protéine. Et si la séquence ne figure nulle part, le chercheur se dépêchera de la proposer aux banques de données, légitimant ainsi sa découverte.

C'est ainsi que, chaque jour, des centaines de nouveaux gènes et de

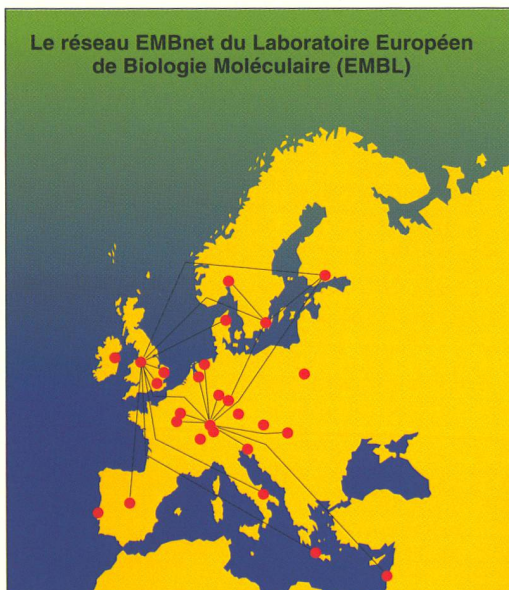
téines, il y a principalement Swissprot (Europe) et PIR (USA, Europe). Mais il existe de nombreuses autres banques plus petites ou plus spécialisées – sans oublier celles nées dans la zone Japon/Pacifique.

Interconnectés

Chaque jour, les responsables de ces banques vérifient l'origine et la fiabilité des séquences qui leur sont proposées. Ils modifient leurs informations en conséquence, puis, régulièrement, envoient les vraies nouveautés – et elles seules – vers des «redistributeurs d'information» (serveurs) éparpillés sur la planète.

L'Institut européen de bio-informatique, établi à Cambridge (GB) et régi par l'EMBL, chapeaute le réseau européen d'informations biologiques. Il s'occupe de récolter les dernières mises à jour des banques de données mondiales, pour ensuite les redistribuer à travers le réseau EMBnet qui se compose de 26 serveurs «nationaux»; ces derniers sont eux-mêmes interconnectés (voir carte).

Le réseau EMBnet du Laboratoire Européen de Biologie Moléculaire (EMBL)



nouvelles protéines font leur entrée dans les diverses banques d'informations biologiques du monde. En ce qui concerne l'ADN, les plus grandes sont Genbank (USA) et celle de l'EMBL (Laboratoire Européen de Biologie Moléculaire), une organisation de recherche regroupant 15 pays dont la Suisse. Pour les pro-

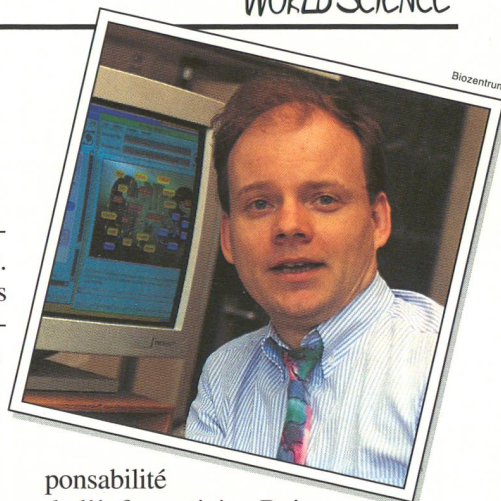
C'est par le biais de leur serveur national que les instituts et universités des divers pays européens sont connectés à EMBnet.

Le serveur national de la Suisse se trouve au Biozentrum de l'Université de Bâle; il est sous la res-

ponsabilité

de l'informaticien Reinhard Dölz (photo). Les données y sont récoltées, comparées avec celles en provenance des USA, puis mises en forme pour être maniées par les programmes des utilisateurs. «Pour faciliter les accès à ces banques de données, il faut trouver des nouvelles voies qui vont demander encore pas mal de recherches!», explique Reinhard Dölz. «Une de nos réalisations dans ce sens est le programme HAS-SLE (Hierarchical Access System for Sequence Libraries in Europe).»

HASSLE est à la fois efficace et économe, car il oriente la recherche automatiquement vers le serveur compétent le plus proche. Si l'un des serveurs est momentanément indisponible – ce qui est souvent le cas lors de la remise à jour des banques – il trouve le remplaçant le plus facilement atteignable. «Ces innovations



```
ID      HSC7EXN11  standard; DNA; PRI; 377 BP.
AC      X86338;
DT      18-APR-1995 (Rel. 43, Created); 21-APR-1995 (Rel. 43, Last updated, Version 3)
DE      H. sapiens C7 gene, exon 11
RN      Hobart, Fernie, Discipio; "Structure of the human C7 gene."; Unpublished.
...
SQ      Sequence 377 BP; 120 A; 44 C; 55 G; 158 T; 0 other;
        1  atgttaaata  ttttaggtga  tgatatgta  actggcttgg  atagaattat
        51  ttacacattgt  attggaaata  ataacatcac  ttgtaccccc  ataaatttat
        101  acaattataa  attgtcaatt  tatagttata  aaaagaaatg  caagctaaaa
```

sont particulièrement appréciées», explique l'informaticien. «Car les biologistes n'aiment pas perdre leur temps avec des problèmes de communication – surtout s'ils sont pressés de savoir s'ils ont vraiment fait une découverte!»