

Zeitschrift: Horizons : le magazine suisse de la recherche scientifique
Herausgeber: Fonds National Suisse de la Recherche Scientifique
Band: - (2006)
Heft: 70

Artikel: Point fort : au cœur de la jungle des protéines
Autor: Meili, Erika / Roth, Patrick
DOI: <https://doi.org/10.5169/seals-551933>

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](#)

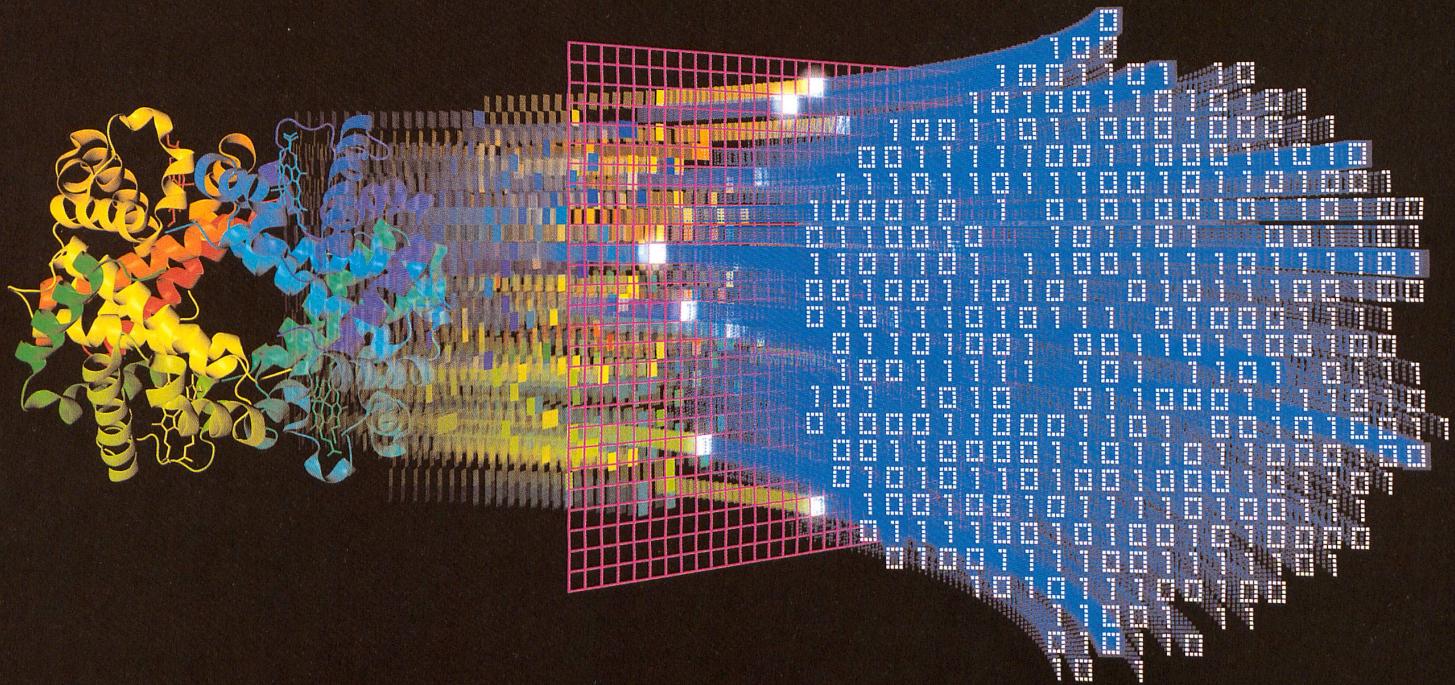
Download PDF: 11.02.2026

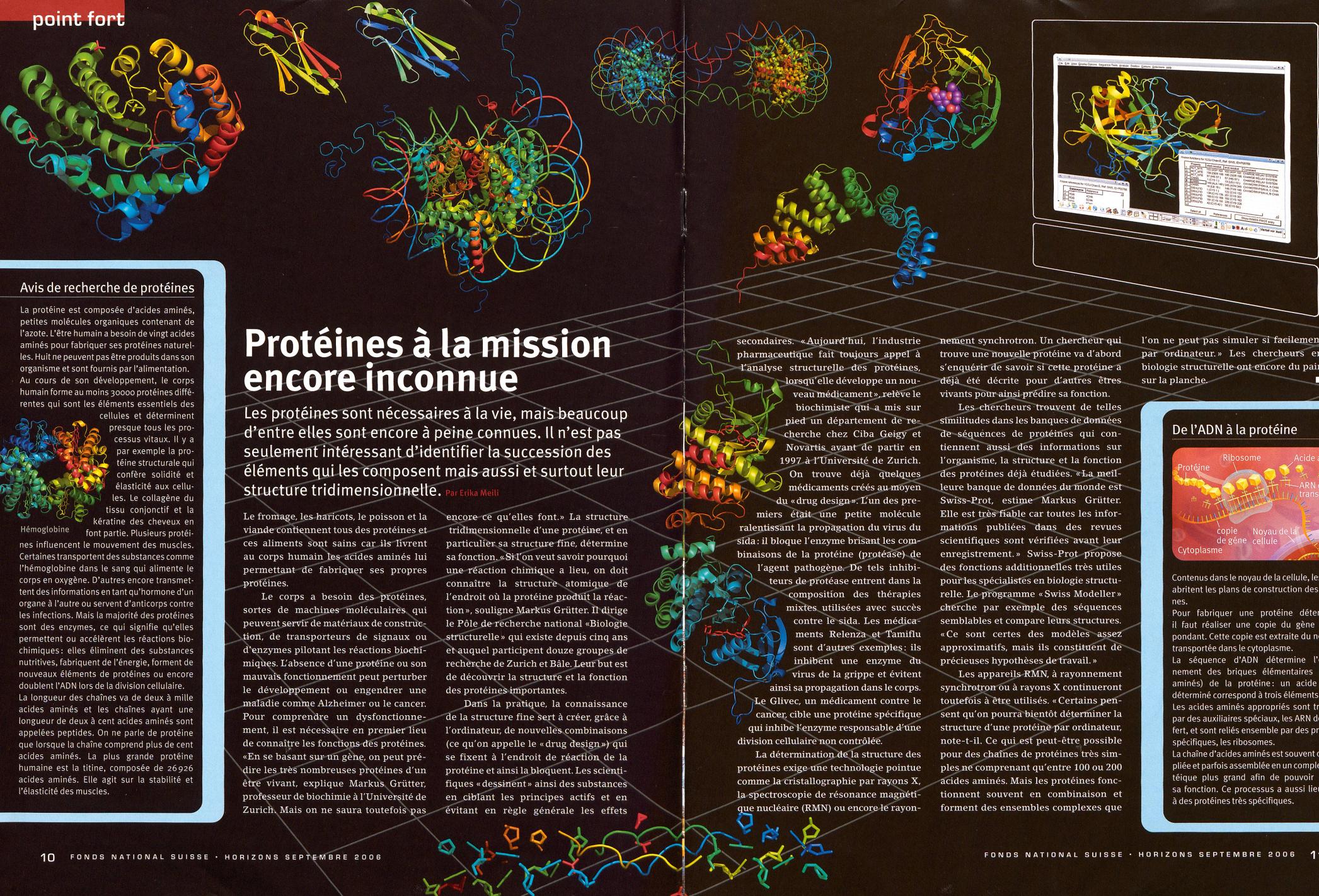
ETH-Bibliothek Zürich, E-Periodica, <https://www.e-periodica.ch>



Au cœur de la jungle des protéines

Au cours de son développement, le corps humain fabrique au moins 30000 protéines différentes. Leurs fonctions sont toutefois encore largement méconnues. Des banques de données sur les protéines fournissent une aide en permettant des comparaisons entre des protéines connues et des protéines qui viennent d'être découvertes. La banque de données la plus renommée dans ce domaine s'appelle Swiss-Prot et a été fondée, il y a vingt ans, par le biochimiste genevois Amos Bairoch. Photo : Severin Nowacki / Illustration : Mathias Bader





Encyclopédiste des protéines

Amos Bairoch est depuis plus de vingt ans pionnier dans la recherche sur les molécules biologiques à l'aide de la technologie de l'information. Sa carrière est le reflet du développement de la bioinformatique.

Par Patrick Roth, Photos Severin Nowacki

Adolescent, il était déjà attiré par la recherche spatiale. Et il était fasciné par l'idée d'étudier des formes de vie extraterrestres. En quoi ces dernières pourraient-elles se différencier de la biologie terrestre? C'est pour répondre à cette éventuelle interrogation qu'Amos Bairoch a choisi d'étudier la biochimie. Parallèlement, il s'est intéressé de près à l'informatique. «Mon père avait déjà une passion pour la technique, se souvient-il. Cet héritage a éveillé très tôt chez moi une fascination pour les calculatrices et les ordinateurs.»

Peu reconnu au début

Alors qu'il était encore étudiant en biochimie à l'Université de Genève, Amos Bairoch a programmé le premier micro-ordinateur Apple II de la ville afin d'analyser des expériences biochimiques. «Le

concept de bioinformatique n'existe pas à l'époque et les étudiants qui jonglaient avec l'informatique étaient plutôt considérés comme des chercheurs ratés», relève le professeur de biologie structurelle et de bioinformatique à l'Université de Genève. Agé aujourd'hui de 49 ans,

il a expérimenté toutes les phases de l'application de la technologie de l'information au domaine de la biologie moléculaire, depuis les débuts en utilisant de gros ordinateurs en time-sharing en passant par les premiers programmes avec une souris jusqu'à la diffusion globale des séquences de protéines les plus récentes sur le web. Il a aussi directement contribué au développement de nouveaux programmes d'analyse. Il est par ailleurs l'un des premiers chercheurs du monde à avoir mis en évidence la possibilité de décoder le

code presque sans fin du vivant à l'aide de puces en silicium et de logiciels.

Au milieu des années 1980, Amos Bairoch a programmé pour son travail de doctorat trois applications totalement nouvelles qui ont beaucoup marqué le développement de la bioinformatique : le logiciel PC/Gene, un ensemble de programmes d'analyse de séquences protéiques, PROSITE, la bibliothèque des modèles de protéines, ainsi que Swiss-Prot, la banque de données de séquences protéiques qui fête cette année son vingtième anniversaire. Entre-temps, un ordinateur avec une connexion Internet est devenu pratiquement son seul instrument de travail, avec une pile impressionnante d'articles scientifiques sur les biomolécules récemment décodées. «Heureusement que, depuis le début, l'ensemble des connaissances sur les protéines n'a jamais augmenté plus vite que la capacité des disques durs d'un PC, précise le professeur avec un sourire amusé. Cet avantage me permet de continuer d'emmenager Swiss-Prot sur mon ordinateur portable.»

Des souris et des hommes

A la question de savoir s'il se sent plutôt informaticien ou biologiste, Amos Bairoch répond sans hésiter : «Je suis biolo-

gisté!» L'objectif de Swiss-Prot est de faciliter l'analyse et la comparaison des protéines pour les chercheurs. Depuis sa création, il y a vingt ans, la banque de données s'est muée en une encyclopédie électronique qui décrit pratiquement toutes les protéines actuellement connues dans le monde. La majorité des entrées, et de loin, concernent les protéines humaines et celles de la souris. «Swiss-Prot nous livre des listes d'éléments qui rendent une cellule vivante. Nous ne comprenons cependant pas encore comment le tout fonctionne, admet le scientifique. Nous n'en sommes toujours qu'au début.»

Spécialiste en histoire économique, le père du chercheur a travaillé dans diverses universités, contrignant sa famille à un certain nomadisme. D'origine française, Amos Bairoch a suivi sa scolarité en Belgique, en France et au Canada avant de s'installer en Suisse. La fidélité à Genève dont il a fait preuve tout au long de sa carrière est d'autant plus surprenante. «Mon travail pour Swiss-Prot et PC/Gene m'a lié à l'Université de Genève», confirme-t-il. Un engagement auprès d'une autre institution académique aurait supposé la fin du projet. Mais pour compenser sa sédentarité professionnelle, il entreprend durant ses loisirs de longues promenades dans la nature avec sa femme Martine qui enseigne le yoga. Ce travailleur invétéré se ressource en famille. «Durant les week-ends et les vacances, je suis capable de m'extraire totalement du monde de la recherche, avoue-t-il. Et j'oublie tout, tout de suite!» Chez lui, on ne parle pas de bioinformatique et aucun de ses trois enfants - Alice

(20 ans), Jonas (17) et Colin (13) - n'envisage de suivre ses traces.

De l'idée à la concrétisation

«Créer une banque de données est un projet qui n'a pas de fin», souligne le professeur. Afin de pouvoir assurer la durabilité de Swiss-Prot, soutenu auparavant par le Fonds national, le projet a été institutionnalisé en 1998 dans le cadre de la création de l'Institut suisse de bioinformatique (ISB). Sous sa direction et aussi entre-temps grâce au soutien international, le groupe Swiss-Prot a pour objectif de rassembler à l'ISB toutes les connaissances sur les protéines, de les améliorer puis de les diffuser aux chercheurs du monde entier. Ce besoin d'échange et de partage est le fil rouge du travail d'Amos Bairoch. Un besoin qui illustre aussi la boîte ouverte d'appétissants chocolats qui trône sur la table autour de laquelle se déroule l'entretien.

Amos Bairoch a contribué de façon significative à l'interprétation des plans de construction codés de la biologie terrestre. Sa contribution au développement de la bioinformatique a été honorée en 2004 par l'attribution du prix Latsis européen. Mais son ancienne passion est toujours présente. Avec des yeux pétillants, il commente les résultats des missions spatiales actuelles. Qu'il s'agisse des nappes phréatiques dissimulées sous le désert de Mars, de l'océan salé sous l'imposante calotte de glace d'Europe, la lune de Jupiter, ou encore des volcans de glace crachant du méthane de Titan, une lune énorme et exotique dans le lointain système de Saturne, il étudierait très volontiers ces prometteuses oasis de vie découvertes dans le système solaire. Une manière de rajouter éventuellement un chapitre sur les découvertes exobiologiques à son encyclopédie des protéines. ■

Du mini-ordinateur à la banque de données géante

La banque de données internationale sur les protéines Swiss-Prot doit son excellente renommée à son annotation soigneuse des séquences de protéines et à ses logiciels performants. Par Patrick Roth, Photo Severin Nowacki

La base de la bioinformatique est très simple: les plans de construction du vivant reposant sur un code, qui peut être analysé et décodé de manière très efficace par les ordinateurs. Fort de cette découverte, le biochimiste Amos Bairoch de l'Université de Genève a saisi, en 1981 déjà, les séquences de protéines connues à l'époque afin de pouvoir les comparer et les analyser à l'aide de logiciels. Alors que sa banque de données comportait déjà 3900 entrées de séquences en 1986, le chercheur a décidé de la rendre accessible au public: Swiss-Prot était née. Le projet bénéficie du soutien du Fonds national suisse depuis 1993.

Importante évaluation

En deux décennies, Swiss-Prot est devenue la plus grande source de connaissances sur les protéines et depuis sa fusion avec d'autres banques de données, elle est devenue membre du consortium UniProt. Elle est toujours domiciliée à l'Institut suisse de bioinformatique de l'Université de Genève, même si le recueil des informations s'est globalisé: il y a des équipes en Grande-Bretagne et aux Etats-Unis. Plus de 230 000 séquences ont déjà été enregistrées dans la banque de données. Elles décrivent la succession de plus de 84 millions d'acides aminés. Une nouvelle version de Swiss-Prot est diffusée toutes les deux semaines et chaque mise à jour comprend environ 1000 nouvelles protéines. L'évaluation des données est toutefois encore plus importante que leur

enregistrement. Ce commentaire (appelé aussi annotation) est fait manuellement, en s'appuyant sur les descriptions de protéines parues dans les articles scientifiques ainsi que sur les résultats de l'application de logiciels d'analyse des séquences de protéines. Ces données sont régulièrement mises à jour. Les chercheurs des différentes institutions ainsi que de l'industrie trouvent donc non seulement des séquences et des référen-

d'une protéine apparaissant dans d'autres banques de données sont ainsi rassemblées. Toutes les informations disponibles se trouvent sur des serveurs auxquels les personnes intéressées peuvent accéder librement par Internet. Afin de faciliter la navigation dans cet océan d'informations, un programme de recherche a été développé afin de permettre de parcourir la banque de données indexée. D'autres instruments sont conçus pour faciliter le



ces de publication dans Swiss-Prot, mais également des informations concernant la fonction de chaque protéine, des éléments fonctionnels de la protéine, des centres actifs, la forme tridimensionnelle entre autres. Certaines familles de protéines sont attribuées à des experts qui participent à l'actualisation des informations concernant «leur» famille de protéines.

Un autre objectif de Swiss-Prot est de limiter la redondance des données globales. Les différentes descriptions

travail de détective des biochimistes: la fonction d'une nouvelle protéine peut souvent être établie grâce la ressemblance de sa séquence avec celles d'autres groupes connus de protéines. De telles comparaisons ne sont toutefois possibles qu'au moyen de programmes informatiques très performants. Les protéines humaines les plus longues peuvent en effet comprendre des séquences allant jusqu'à 30 000 acides aminés.

www.expasy.org