

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

Artikel: Gérer le flot de protéines
Autor: Roth, Patrick
DOI: <https://doi.org/10.5169/seals-551949>

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>

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 Gefé

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 pourvues 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.

