

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

Artikel: Titel : Durchblick im Eiweiss-Dschungel
Autor: Meili, Erika / Roth, Patrick
DOI: <https://doi.org/10.5169/seals-557252>

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

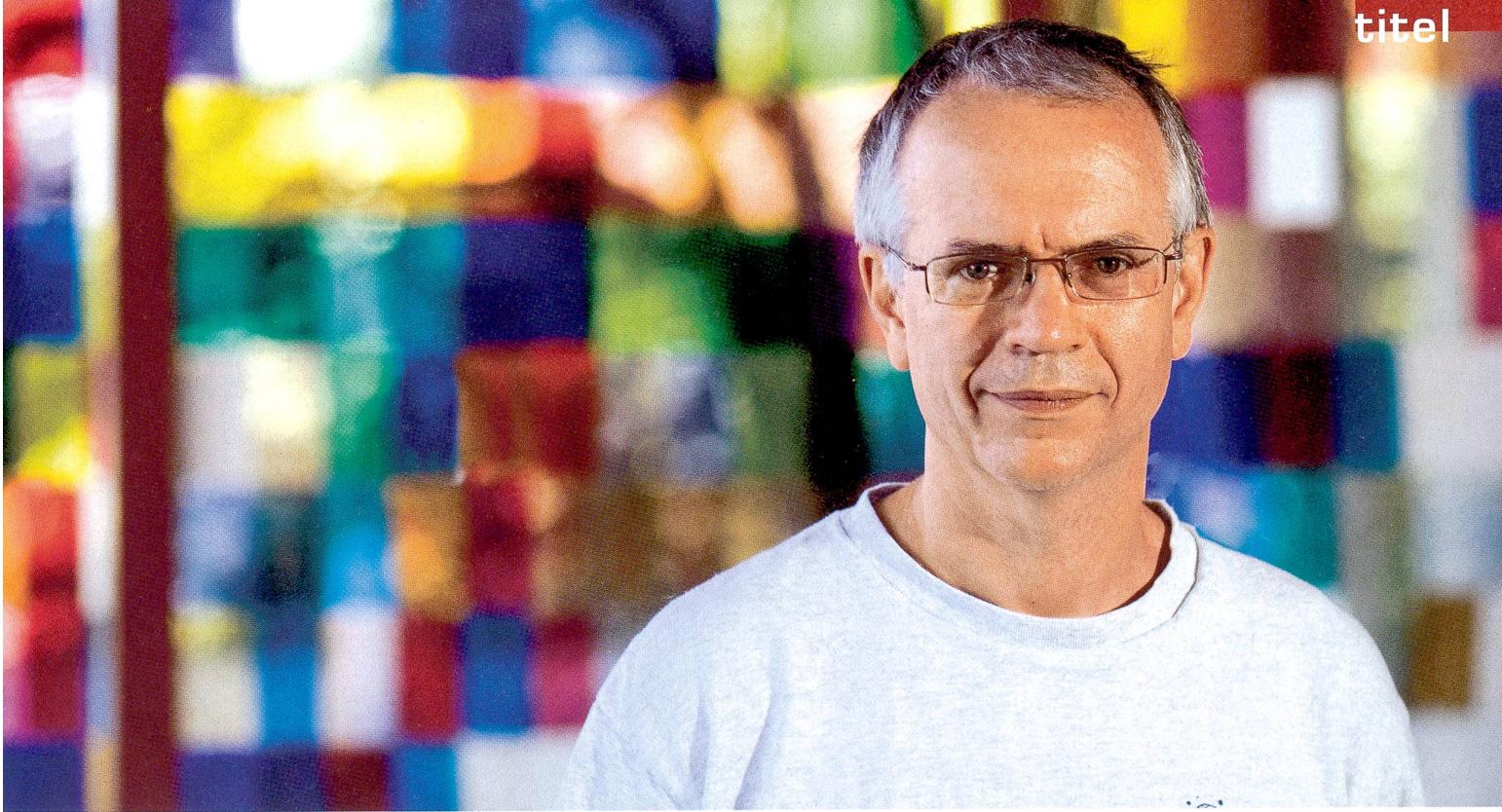
L'ETH Library est le fournisseur des revues numérisées. Elle ne détient aucun droit d'auteur sur les revues et n'est pas responsable de leur contenu. En règle générale, les droits sont détenus par les éditeurs ou les détenteurs de droits externes. La reproduction d'images dans des publications imprimées 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](#)

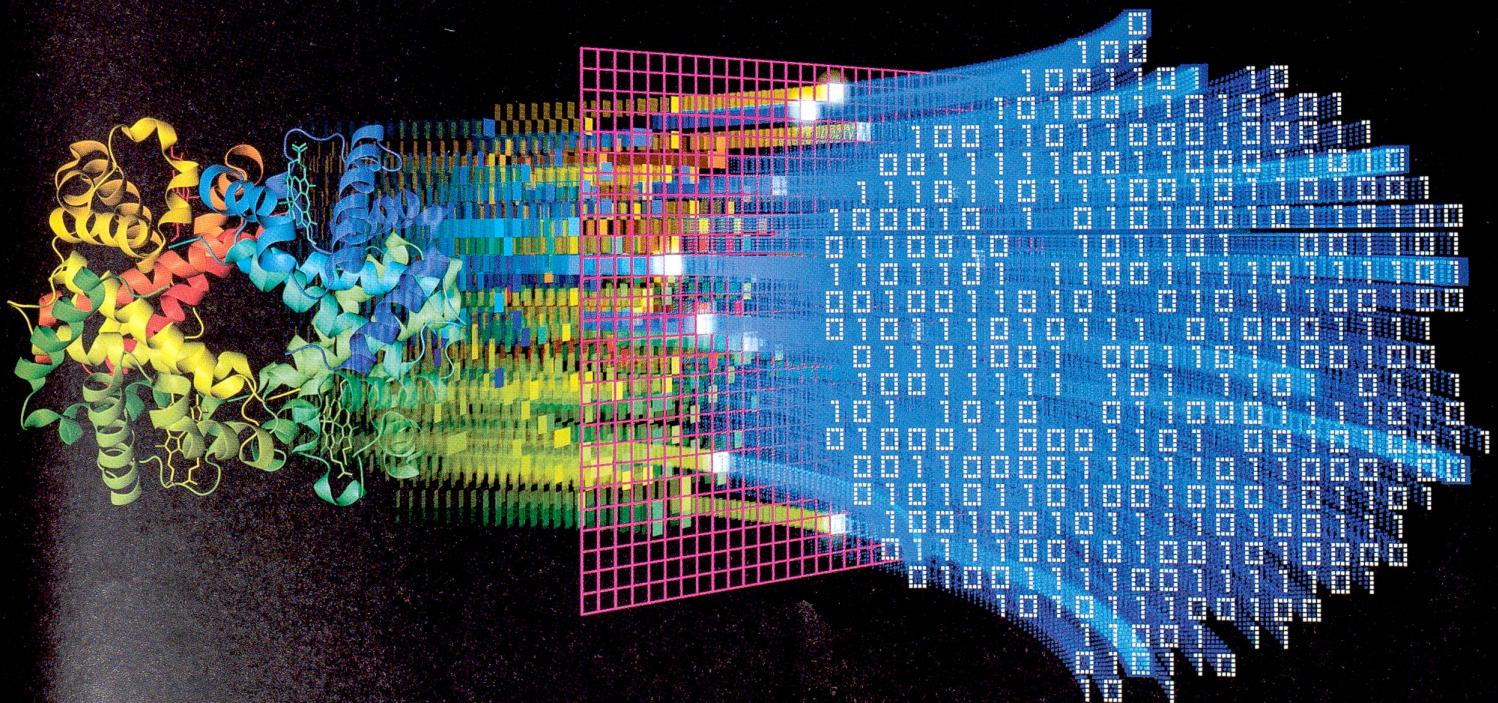
Download PDF: 29.01.2026

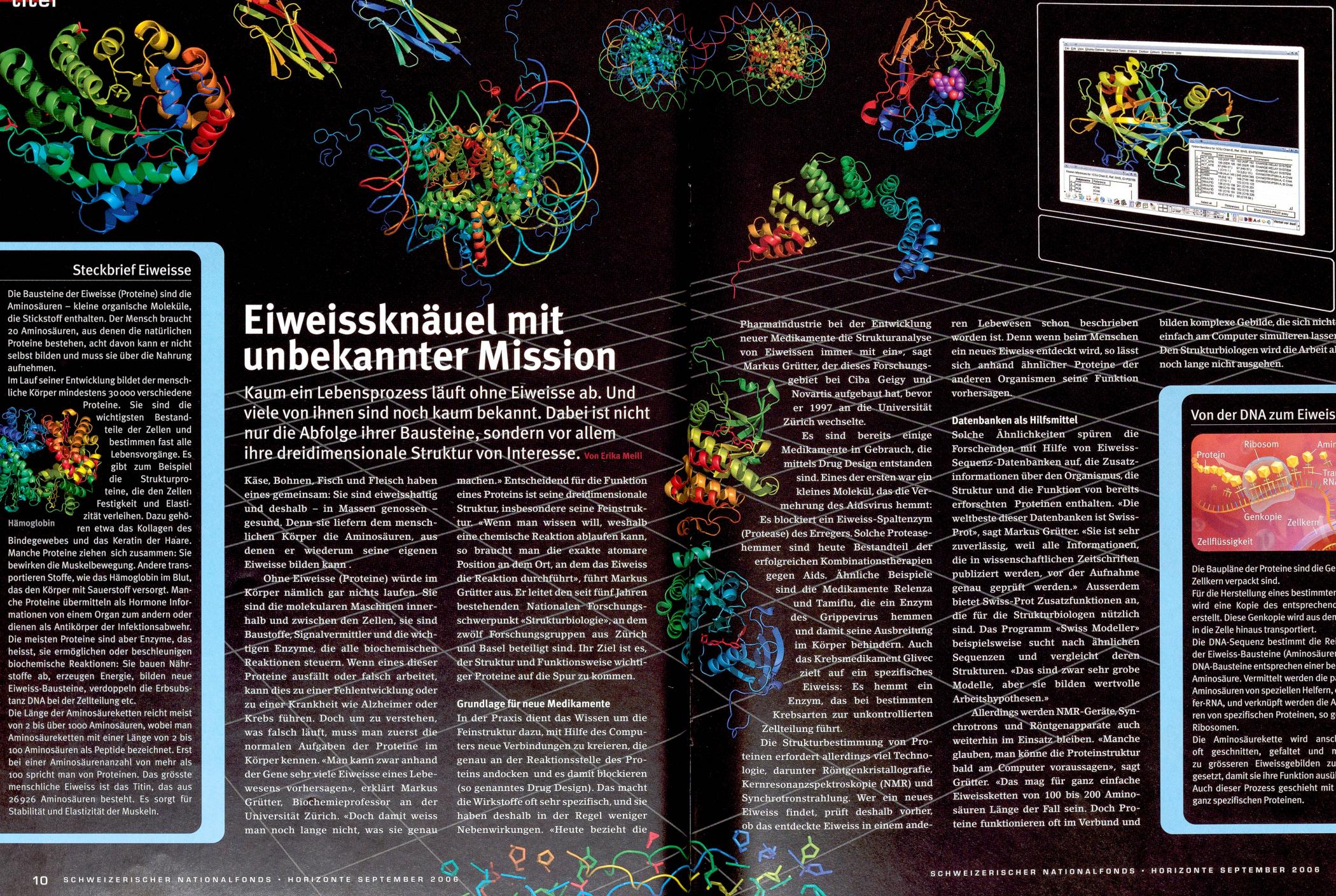
ETH-Bibliothek Zürich, E-Periodica, <https://www.e-periodica.ch>



Durchblick im Eiweiss-Dschungel

Im Lauf seiner Entwicklung bildet der menschliche Körper mindestens 30 000 verschiedene Eiweisse. Welche Aufgaben sie erfüllen, ist noch weitgehend unbekannt. Unterstützung bieten Protein-Datenbanken, die Vergleiche zwischen neu entdeckten und bekannten Eiweissen ermöglichen. Die renommierteste dieser Datenbanken heisst Swiss-Prot und wurde vor 20 Jahren vom Genfer Biochemiker Amos Bairoch gegründet. Bild Severin Nowacki, Illustration Mathias Bader





Enzyklopädist der Proteine

Seit mehr als 20 Jahren ist Amos Bairoch ein Wegbereiter der Erforschung biologischer Moleküle mit Hilfe von Informationstechnologie. Seine Laufbahn widerspiegelt die Entwicklung der Bioinformatik. Von Patrick Roth, Bilder Severin Nowacki

Als Teenager zog ihn die Erforschung des Weltraums in ihren Bann. Der Gedanke, ausserirdische Lebensformen zu studieren, faszinierte Amos Bairoch. Welche Unterschiede gäbe es zur irdischen Biologie? Um für diese Frage gut gerüstet zu sein – würde sie sich jemals stellen –, studierte er Biochemie. Gleichzeitig begann seine Leidenschaft für die Informatik. «Mein Vater interessierte sich leidenschaftlich für Technik», erinnert sich Amos Bairoch. «Das hat meine eigene Faszination für programmierbare Taschenrechner und Computer schon früh geweckt.»

Zu Beginn wenig anerkannt

Bereits während seines Bachelor-Studiums der Biochemie an der Universität Genf programmierte Bairoch nebenbei auf dem allerersten Apple-II-Mikrocomputer der Stadt Software für die Analyse biochemischer Experimente. «Damals existierte der Begriff Bioinfor-

matik noch nicht, und Studenten, die sich mit Computern herumschlugen, wurden im Institut als gescheiterte Forscher angesehen», berichtet der heute 49-jährige Professor für Strukturbioologie und Bioinformatik der Universität von Genf. Von den grobschlächtigen, im Time-Sharing genutzten Mainframe-Computern über die ersten mit einer Maus bedienten Programme bis zur globalen Verbreitung der neusten Proteinsequenzen als das World Wide Web hat Bairoch die Anwendung von Informationstechnologie auf dem Gebiet der Molekularbiologie als Intimus erlebt und die Entwicklung neuer Analyseprogramme auch immer wieder selbst vorangetrieben. Als einer der ersten Forscher weltweit erkannte er, dass der schier endlose Code des Lebens mit Hilfe von Silikonchips und Software effizient entschlüsselt werden kann.

Für seine Doktorarbeit programmierte Amos Bairoch Mitte der achtziger Jahre nicht weniger als drei völlig neue Applikationen, welche die Entwicklung der Bioinformatik stark geprägt haben: PC/Gene zur Analyse von Protein- und Aminosäurensequenzen, die Proteinmusterbibliothek PROSITE und die Proteinsequenz-Datenbank Swiss-Prot, die in diesem Jahr ihr 20-jähriges Bestehen feiern kann. Mittlerweile ist ein Computer mit Internetanschluss praktisch alles, was er – neben einem hoch getürmten Stapel wissenschaftlicher Artikel über neu entschlüsselte Biomoleküle – für seine Arbeit als Bioinformatiker braucht. «Unser Gesamtwissen der Proteine ist zum Glück von Anfang an nie schneller gewachsen als die Festplattenkapazität der PCs», erklärt Bairoch mit einem breiten Schmunzeln. «Das hat den Vorteil, dass ich Swiss-Prot heute auf Reisen immer auf meinem Laptop gespeichert mit mir herumfragen kann.»

Viele Proteine von Menschen und Mäusen

Die Frage, ob er sich eher als Informatiker oder als Biologe fühle, beantwortet Amos Bairoch, ohne zu zögern: «Ich bin Biologe!» Das Ziel von Swiss-Prot sei es, sich und anderen Forschern die Analyse und den Vergleich von Proteinen zu erleichtern. Seit ihrer Gründung vor 20 Jahren ist die Datenbank

zu einem elektronischen Lexikon angewachsen, das praktisch aktuell alle weltweit bekannten Proteine beschreibt. Mit Abstand die meisten Einträge betreffen Eiweisse des Menschen und der Hausmaus. «Swiss-Prot liefert uns Listen von Einzelteilen, die eine Zelle lebendig machen. Aber wie alles zusammen funktioniert, verstehen wir noch nicht», räumt Bairoch ein. «Wir stehen immer noch am Anfang.»

Da der Vater als Ökonomiehistoriker an verschiedenen Universitäten tätig war, verbrachte Amos Bairoch eine nomadische Jugend. Der gebürtige Franzose besuchte in Belgien, Frankreich und Kanada die Schule, bevor er in der Schweiz eingebürgert wurde. Umso überraschender wirkt die Standorttreue im bisherigen Verlauf seiner Karriere.

«Meine Arbeit für Swiss-Prot und PC/Gene hat mich an der Universität von Genf festgehalten», bestätigt Bairoch. Dem Ruf einer anderen akademischen Institution zu folgen hätte das Ende der Projekte bedeutet. Als Ausgleich für die berufliche Sesshaftigkeit unternimmt er in der Freizeit gerne gemeinsam mit seiner Frau, der Yogainstruktörin Martine Bairoch, lange Wanderungen in der Natur. In der Familie findet der Vielarbeiter seinen Ausgleich zum beruflichen Leben. «An den Wochenenden und in den Ferien klinke ich mich vollkommen aus der Forschungswelt aus», sagt Bairoch. «Und ich vergesse sofort alles!» Die Bioinformatik ist denn zu Hause auch kaum ein Thema, und von seinen drei Kindern Alice (20), Jonas (17) und Colin (13) zeigt keines Interesse daran, in die Fußstapfen des Vaters zu treten.

«Eine Datenbank zu betreiben ist ein Projekt mit einem Beginn, aber ohne Ende», betont Bairoch. Um die Nachhaltigkeit der zuvor vom Schweizerischen Nationalfonds unterstützten Proteindatenbank Swiss-Prot sichern zu können, wurde das Projekt 1998 mit der Gründung des Schweizerischen Instituts für Bioinformatik (SIB) in Genf institutionalisiert. Unter seiner Leitung und mittlerweile auch mit internationaler Unterstützung verfolgt die Swiss-Prot Gruppe am SIB das Ziel, das globale Wissen über die Proteine zusammenzutragen, zu verfeinern und weltweit anderen Forschern zugänglich machen. Dieses Bedürfnis zu teilen und mitzuteilen durchzieht die Arbeit von Amos Bairoch wie ein roter Faden. Beinahe symbolisch dafür steht mittan auf dem Schreibtisch, an den er zum Gespräch gebeten hat, eine geöffnete Schachtel mit einladend duftenden Schokoladeplätzchen.

Leidenschaft für ausserirdisches Leben

Amos Bairoch hat wesentlich dazu beigetragen, die kodierten Bauanleitungen der irdischen Biologie interpretierbar zu machen. Für seine Beiträge zur Entwicklung der Bioinformatik wurde er im Jahr 2004 mit dem Europäischen Latsis-Preis geehrt. Doch auch seine ursprüngliche Passion ist immer noch vorhanden. Mit einem Leuchten in den Augen kommentiert er die Resultate aktueller Weltraummissionen. Ob im verborgenen Grundwasser der Sandwüsten des Mars, in den salzigen Ozeanen tief unter dem mächtigen Eispanzer des Jupitermondes Europa oder in den gefrorenen Methanvulkanen des Riesenmondes Titan im fernen Saturnsystem: Zu gerne würde er die aussichtsreichsten ausserirdischen Oasen des Lebens im Sonnensystem erforschen, um der Enzyklopädie der Proteine vielleicht ein Kapitel für exobiologische Funde hinzufügen zu können.

Vom Minicomputer zur Mega-Datenbank

Die international vernetzte Proteindatenbank Swiss-Prot verdankt ihren guten Ruf der sorgfältigen Kommentierung der Proteinsequenzen und ausgetüftelter Software. **Von Patrick Roth, Bild Severin Nowacki**

Die Grundlage der Bioinformatik ist zwingend einfach: Da die Baupläne des Lebens auf einem Code basieren, lässt sich dieser mit Hilfe von Computern extrem effizient analysieren und entschlüsseln. Aufgrund dieser Erkenntnis tippte der Biochemiker Amos Bairoch an der Universität Genf bereits im Jahr 1981 über tausend der damals bekannten Proteinsequenzen in einen Minicomputer ein, um sie mit Hilfe von Software vergleichen und analysieren zu können. Als seine Proteindatenbank 1986 auf bereits 3900 Sequenzinhalte angewachsen war, beschloss Bairoch, sie öffentlich zugänglich zu machen. Damit war Swiss-Prot geboren. Seit 1993 wird das Forschungsprojekt auch vom Schweizerischen Nationalfonds unterstützt.

Aufwändige Auswertung

An ihrem 20-jährigen Bestehen ist Swiss-Prot die weltgrößte Wissensquelle für Proteine und seit der Fusion mit anderen Proteindatenbanken Teil des UniProt-Konsortiums. Beheimatet ist Swiss-Prot immer noch am Schweizerischen Institut für Bioinformatik an der Universität Genf, zusammengetragen werden die Informationen aber längst global: Es gibt Swiss-Prot-Teams in Großbritannien und den USA. Über 230 000 Sequenzen sind mittlerweile in der Datenbank gespeichert. Sie beschreiben die Abfolge von mehr als 84 Millionen Aminosäuren. Alle 14 Tage wird eine neue Version von Swiss-Prot veröffentlicht – zurzeit beschreibt jedes Update rund 1000 neue Proteine. Wichtiger als das Ablegen der experimentell ermittelten

Sequenzdaten ist aber ihre Auswertung. Diese Kommentierung (auch Annotation genannt) erfolgt manuell aus der Beschreibung des jeweiligen Proteins in wissenschaftlichen Artikeln und aus der Anwendung von Software für die Analyse von Proteinsequenzen. Diese Daten werden regelmäßig aufgefrischt. Dadurch finden Forscher aus Akademie und Industrie in Swiss-Prot neben Sequenz und Literaturreferenzen auch zusätz-

in anderen Datenbanken erscheinen, zusammengefasst. Alle zur Verfügung gestellten Informationen befinden sich auf Web-Servern, die Interessierten via Internet frei zugänglich sind. Um das riesige Informationsmeer navigierbar zu machen, wurden im Rahmen von Swiss-Prot auch Suchprogramme geschaffen, mit denen die indizierte Datenbank durchkämmt werden kann. Zusätzliche Hilfsmittel sind spezifisch auf die Detektivarbeit



liche Informationen über die Funktion jedes Proteins, über funktionelle Abschnitte des Eiweißes, aktive Zentren, die dreidimensionale Form und vieles mehr. Einzelne Proteinfamilien sind Experten zugeteilt, die die Informationen «ihrer» Proteinfamilie aktualisieren helfen.

Die globale Datenredundanz gering zu halten ist ein weiteres Ziel von Swiss-Prot. Dafür werden verschiedene Beschreibungen eines Proteins, die auch

der Bioinformatiker zugeschnitten: Oft kann die Funktion eines neu gefundenen Proteins abgeleitet werden, weil seine Sequenz derjenigen von bereits bekannten Proteingruppen ähnlich ist. Um solche Vergleiche anstellen zu können, sind sehr leistungsfähige Computerprogramme notwendig, denn die längsten menschlichen Proteine können aus Sequenzen von bis zu 30 000 Aminosäuren bestehen. ■

www.expasy.org