

Die Fülle der Proteine ordnen

Autor(en): **Roth, Patrick**

Objektyp: **Article**

Zeitschrift: **Horizonte : Schweizer Forschungsmagazin**

Band (Jahr): - **(2006)**

Heft 70

PDF erstellt am: **21.09.2024**

Persistenter Link: <https://doi.org/10.5169/seals-557253>

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Inhalten der Zeitschriften. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern. Die auf der Plattform e-periodica veröffentlichten Dokumente stehen für nicht-kommerzielle Zwecke in Lehre und Forschung sowie für die private Nutzung frei zur Verfügung. Einzelne Dateien oder Ausdrucke aus diesem Angebot können zusammen mit diesen Nutzungsbedingungen und den korrekten Herkunftsbezeichnungen weitergegeben werden. Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Die systematische Speicherung von Teilen des elektronischen Angebots auf anderen Servern bedarf ebenfalls des schriftlichen Einverständnisses der Rechteinhaber.

Haftungsausschluss

Alle Angaben erfolgen ohne Gewähr für Vollständigkeit oder Richtigkeit. Es wird keine Haftung übernommen für Schäden durch die Verwendung von Informationen aus diesem Online-Angebot oder durch das Fehlen von Informationen. Dies gilt auch für Inhalte Dritter, die über dieses Angebot zugänglich sind.

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.

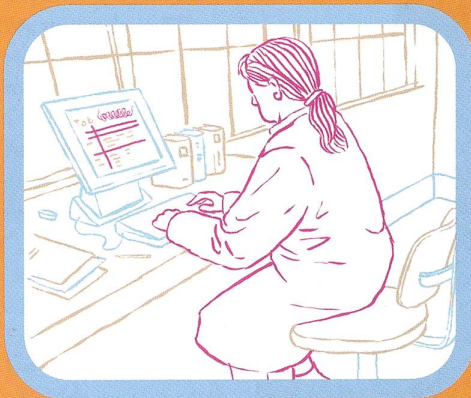


Abb. 3 Nun beginnt die Arbeit der Wissenschaftler von Swiss-Prot: Sie übernehmen die Daten eines Proteins aus den Publikationen und stellen sie Forschern weltweit in der geordneten Form von Swiss-Prot auf dem Internet zur Verfügung. Dies ist sowohl Kopfsache als auch Handarbeit – in den wenigsten Fällen 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 Aminosäureabfolge und Literaturreferenzen auch Informationen über Struktur und Funktion der Proteine. Zusätzlich stellt Swiss-

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 Aminosäureabfolge in Proteinen können auch die evolutionäre Entwicklung und der Verwandtschaftsgrad heutiger Lebewesen abgeleitet werden.

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.

