

La Bioinformatique: une Enquête à l'échelle du Vivant

A l'instar d'un détective menant son enquête, le bioinformaticien passe à la loupe les séquences des gènes et des protéines de tous les être vivants. Mais dans son cas, c'est armé de logiciels qu'il suit sa piste à la recherche du moindre indice. A la croisée entre biologie et informatique, son travail peut se résumer en trois mots: stocker, analyser, visualiser.

Stocker

Aujourd'hui, les techniques de biologie moléculaire permettent aux chercheurs de déchiffrer la séquence des gènes et des protéines, mais aussi d'élucider la structure et la fonction de ces dernières, ainsi que les modifications qu'elles subissent une fois produites ou encore leur relation avec une maladie. De la bactérie à l'homme, en passant par la levure, la mouche ou la souris, de nouvelles données sont ainsi découvertes chaque jour dans les laboratoires du monde entier. Pour pouvoir gérer cette gigantesque quantité d'informations en constante augmentation, les bioinformaticiens ont développé des « bases de données ». Véritables encyclopédies informatisées, celles-ci permettent de concentrer et stocker toutes nouvelles informations obtenues aux quatre coins de la terre.

Analyser



Non content de stocker les nouvelles données, le bioinformaticien crée également des outils qui permettent de les analyser. Prenons comme exemple la séquence du génome humain. Grâce à la bioinformatique, il existe des logiciels qui permettent de prédire la séquence d'acides aminés des milliers de protéines qu'elle peut générer. Mais la plupart du temps, le rôle de ces protéines hypothétiques n'est pas connu. Or, beaucoup de protéines sont très ressemblantes d'une espèce à l'autre. Si l'on trouve une protéine similaire dont on connaît la fonction déjà répertoriée dans une base de données, on pourra « prédire » la fonction probable d'une protéine inconnue. De la même manière, certains motifs d'acides aminés sont caractéristiques d'une fonction particulière. Les détecter dans une séquence permet de poser des hypothèses concernant le rôle de la protéine correspondante. De retour dans son laboratoire, le chercheur vérifiera ensuite ces hypothèses de manière expérimentale. C'est la bioinformatique qui fournit aussi les logiciels nécessaires pour rechercher des similarités de séquence à l'intérieur des bases de données ou des motifs particuliers dans une séquence d'acides aminés.

Visualiser

Mais pour bien comprendre comment une protéine assure sa fonction, il est important de connaître sa structure en trois dimensions. Seulement, une protéine c'est tellement petit que déterminer la forme qu'elle occupe dans l'espace exige un travail expérimental très laborieux. Un autre objectif de la bioinformatique est de développer des logiciels de plus en plus performants qui permettent de prédire et de visualiser la structure tri-dimensionnelle d'une protéine à partir de sa séquence d'acides aminés. A l'avenir, ces modèles informatiques

devraient permettre de «simuler» virtuellement l'interaction dans l'espace entre deux protéines ou entre une protéine et un médicament ce qui, à l'heure actuelle, nécessite encore un long travail de laboratoire.

Sylvie Déthiollaz

Pour en savoir plus :

- La bio-informatique, Pour la Science, n°275 (Sept. 2000), pp46-50

Parution: 1er octobre 2000

Protéines à la "Une" (ISSN 1660-9824) sur www.prolune.org est une publication électronique du Groupe Swiss-Prot de l'Institut Suisse de Bioinformatique (ISB). L'ISB autorise la photocopie ou reproduction de cet article pour un usage interne ou personnel tant que son contenu n'est pas modifié. Pour tout usage commercial, veuillez vous adresser à prolune@isb-sib.ch