

Objekttyp: **Miscellaneous**

Zeitschrift: **Ingénieurs et architectes suisses**

Band (Jahr): **107 (1981)**

Heft 11

PDF erstellt am: **18.09.2024**

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.

Actualité

La spirale immortelle¹

ADN — Instrument de la création

Dès le début de notre siècle, en 1900, trois professeurs de botanique, Hugo de Vries, Pays-Bas, Karl Correns, Allemagne, et Erich Tschermak, Seysenegg/Autriche, ont publié leurs nouvelles découvertes sur l'hérédité. Chacun d'eux reconnaissait toutefois spontanément qu'un autre homme, demeuré inconnu, avait déjà réalisé un travail fondamental 35 ans avant eux: le moine augustin Grégor Mendel de Brunn. C'est avec lui qu'avait, en réalité, débuté l'ère de la recherche expérimentale sur l'hérédité.

La découverte des lois de l'hérédité de Mendel était restée ignorée aussi bien de son vivant qu'après sa mort, survenue en 1884, au point que plus tard on pouvait parler littéralement d'une exhumation scientifique par les trois botanistes.

Mais parallèlement, du vivant de Mendel encore, les connaissances sur les cellules, où devaient se dérouler les mécanismes de l'hérédité, s'accrurent considérablement. Depuis les années 40 du siècle précédent, on savait, grâce au botaniste allemand Mathias Jakob Schleiden et au zoologiste Theodor Schwann, que les animaux, les plantes et les hommes étaient constitués de petites unités, de cellules de structure toujours semblable. Puis, Rudolf Virchow, un des plus célèbres médecins de son temps, avait montré que les cellules ne peuvent provenir que d'autres cellules.

Mais, au cœur même de la cellule, les chercheurs ne pénétraient que lentement. Theodor Schwann n'avait pas encore accordé de signification particulière à ce noyau. Il le considérait comme une structure colloïdale mucilagineuse et végétative, comme une sorte de réserve nutritive pour la cellule.

Ce n'est que vers la fin du siècle qu'une certaine lumière se fit sur l'obscurité du nucléus. Il s'avéra que ce noyau possédait deux territoires différents, c'est-à-dire qu'à côté du nucléolus figurait une zone granulée qui absorbait les colorants avec beaucoup d'avidité. Pour cette raison, elle fut baptisée «chromatine» d'après la racine grecque. A la faveur des microscopes et de techniques de coloration de plus en plus perfectionnés, on découvrit que cette chromatine contenait de nombreuses particules filiformes, les chromosomes. Or, ces chromosomes, avec leurs subdivisions, les gènes, jouent chez la plante, l'homme ou l'animal un rôle décisif

dans l'hérédité. Il y a encore quelques décennies on ignorait la manière dont ces gènes fonctionnaient et leur nature, bien qu'il apparaisse de plus en plus évident que les chromosomes et les gènes correspondants représentaient le support du capital héréditaire. D'ailleurs, le nom de chromosome a été lancé dès 1888 par l'anatomiste Wilhelm von Waldeyer, un des professeurs de Paul Ehrlich. La notion de gène, en tant qu'unité héréditaire isolée, est apparue en 1912.

De même que pour Gregor Mendel, le père de la science de l'hérédité, on ignore presque totalement et pendant longtemps le nom de celui qui avait découvert en quoi consistaient réellement les chromosomes et les gènes à l'intérieur du nucléus...

Comme il arrive souvent, les grandes découvertes de l'histoire ont un début modeste. Le jeune chimiste suisse Friedrich Miescher avait reçu l'ordre de son maître, le fameux chimiste Hoppe-Seyler, d'étudier les noyaux des cellules de pus prélevées chez l'animal. Miescher fit agir sur ces cellules un enzyme, la pepsine. Celle-ci se trouve dans le suc gastrique et joue un rôle important dans la digestion en dissociant les molécules d'albumine en unités plus petites, les acides aminés. La pepsine, en effet, attaquait les cellules de pus qui se désagrégeaient. Seuls les noyaux subsistaient.

En analysant les noyaux, Miescher se trouva confronté en 1869 avec un composé inconnu jusqu'alors. Ce n'était ni un hydrate de carbone, ni une substance lipidique ou similaire, ni un sucre. L'ayant découvert dans le nucléus, Miescher l'appela nucléine.

Omniprésence de l'ADN

Près de 80 ans après la découverte de Miescher et malgré de nombreuses recherches, le rôle décisif de l'acide nucléique dans le mécanisme héréditaire était encore inconnu. Certes, on connaissait les 46 chromosomes de l'homme et les gènes qui s'y rattachaient, mais le mécanisme biochimique restait à élucider.

Ce n'est qu'au cours des années 40 et 50 de notre siècle que les biochimistes commencèrent à établir la fonction véritablement omnipotente de l'ADN et à déceler les éléments et enfin la structure de cette spirale immortelle.

Quelle est donc la véritable composition de cette substance au nom si compliqué: acide désoxyribonucléique, en abrégé ADN? Le biochimiste allemand Albrecht Kossel avait déjà découvert dans la molécule d'ADN deux éléments qui revenaient régulièrement. Il s'agissait des bases adénine et guanine qui appartiennent à la classe des purines. Plus tard, on décela encore la thymine et la cytosine comme composants de l'ADN. Elles font partie du groupe des pyrimidines. Généralement, les quatre élé-

ments de la molécule d'ADN ne sont désignés que par leurs initiales. A pour adénine, T pour thymine, C pour cystosine et G pour guanine. Voilà la concision surprenante de l'ABC de notre vie. Chaque base d'ADN est liée à des molécules de sucre, qu'on appelle riboses. Le composé ainsi formé s'appelle nucléotide et les nucléotides sont reliés les uns aux autres dans l'ADN par des groupements phosphates.

La structure exacte de la molécule resta encore inconnue jusqu'en 1952. C'est alors qu'un groupe londonien, sous la direction du physicien Maurice Wilkins, parvint à élucider la structure spatiale de l'ADN grâce aux rayons X. Les images de diffraction ainsi obtenues ont montré que la molécule était dotée d'une structure tridimensionnelle régulière. Il en était de même de toutes les molécules d'ADN. Seuls les divers éléments étaient agencés différemment au sein de cette structure fondamentale.

Encouragés par les images de diffraction de Wilkins, un Anglais, Francis Crick, et un Américain de 24 ans, James Dewey Watson, réussirent, un an plus tard, à construire un modèle structural de la molécule d'ADN qui semblait aussi téméraire que convaincant. Vulgairement parlant, cette double hélice ressemble à une échelle de corde filiforme et spiralee. Les montants sont formés par les groupements riboses et phosphates; les échelons par les quatre bases adénine, guanine, cytosine et thymine. Chaque échelon comporte un couple de bases.

Matériaux de base de tous les développements

Il est important de savoir que les couples ne peuvent être formés que par une combinaison cytosine/guanine ou adénine/thymine. Donc, seules les combinaisons CG, GC, AT et TA sont possibles. Des millions de couples de base sont logés dans chaque unité d'ADN. Les échelons d'ADN existant dans chaque cellule mesureraient environ 2 m, si on les rattachait les uns aux autres, et l'ADN de l'organisme humain fournirait un ruban d'information d'environ 16 milliards de kilomètres.

Les êtres vivants s'étant développés à partir de stades préliminaires simples, les acides nucléiques ont dû apparaître, eux aussi, à un moment donné de l'histoire du globe. Ils ont probablement formé la substance de départ pour l'évolution de la vie que nous percevons mieux maintenant grâce aux progrès réalisés dans la connaissance des acides nucléiques.

Parallèlement à l'ADN, il existe encore un autre acide nucléique, l'acide ribonucléique (ARN), un proche parent de l'ADN, mais son sucre renferme un atome d'oxygène supplémentaire. Au lieu de la thymine, l'ARN dispose de la base azotée uracile. L'ARN se forme gé-

¹ Extrait légèrement abrégé de «Hoechst Aujour'hui», édité par Hoechst Aktiengesellschaft, Abteilung für Öffentlichkeitsarbeit, D-6230 Francfort (M) 80; édition été 1980.

néralement avec des enzymes, tel une empreinte ou un négatif de l'ADN qui joue, en quelque sorte, le rôle de matrice. Ensuite, l'ARN est envoyé par le noyau dans le plasma cellulaire pour y réguler la formation des substances protéiques. Pour cette raison, il s'appelle ARN messager, dérivé de l'anglais « Messenger-RNA », l'anglais étant la langue privilégiée des biologistes et des biologistes de chimie moléculaire.

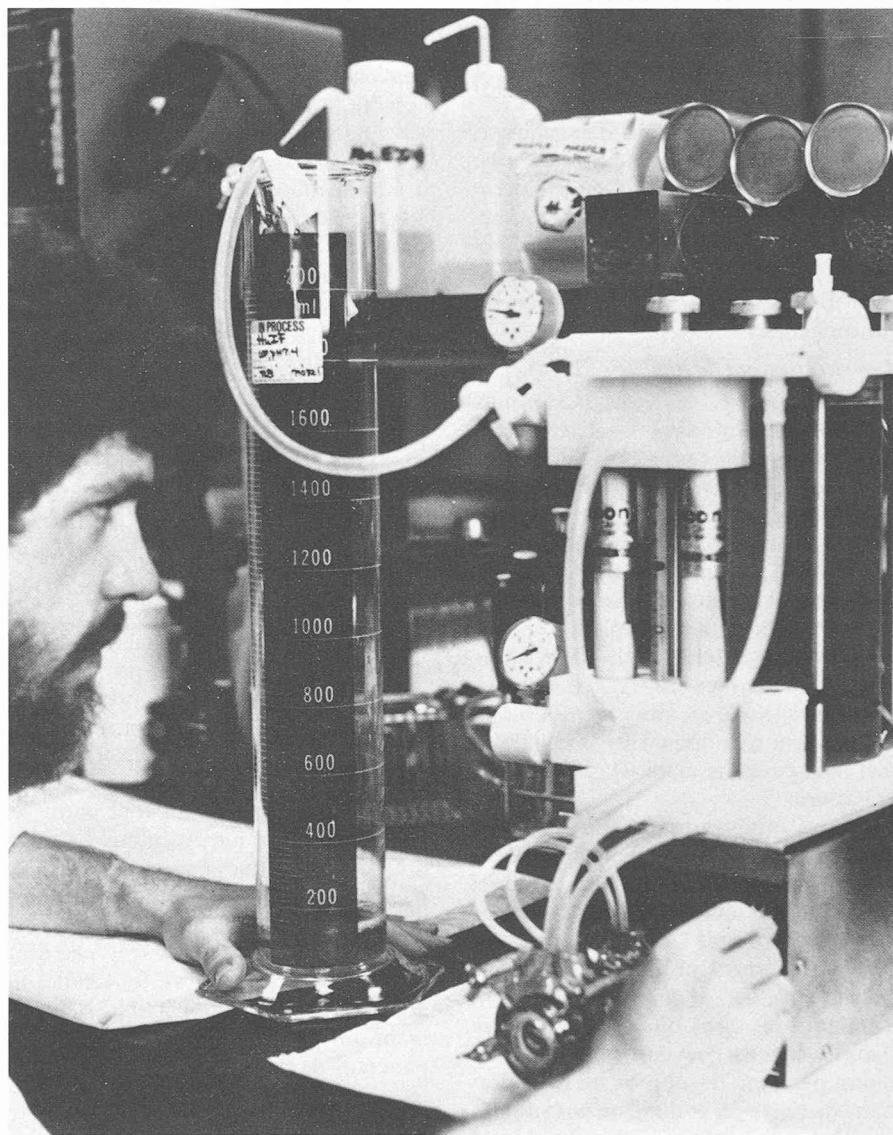
Pendant longtemps d'ailleurs, les biologistes de chimie moléculaire ont cru presque dogmatiquement que l'ADN formait toujours l'ARN suivant son image. Le processus inverse, c'est-à-dire la formation de l'ADN par l'ARN, ne semblait pas possible. Or, on a établi entre-temps qu'avec un certain enzyme l'ADN peut être engendré à partir de l'ARN. L'enzyme concerné s'appelle pour cette raison « Reverse Transcriptase », soit « transcriptase inversée ». On sait maintenant que le matériel génétique se trouve non seulement dans le nucléus des cellules mais également dans le corps nucléaire.

Sans les protéines constituées suivant les instructions de l'ADN ou de l'ARN, il ne pourrait exister ni organisme animal ni organisme humain. Elles forment en effet la substance de base la plus importante des muscles et du sang (les anticorps contenus dans le sang, ces substances protectrices vis-à-vis des intrus étrangers tels que bactéries ou virus, substances également protéiques). Les enzymes sont elles aussi des protéines. Les protéines se présentent sous forme d'acides aminés. Leurs composition et agencement correspondent à l'ordre d'enchaînement des différentes bases dans la molécule d'ARN. On a établi que ce sont toujours trois nucléotides, un triplet, qui forment l'indice d'un acide aminé. Les différents acides aminés sont assemblés en protéines selon un ordre, codifié par les triplets.

L'ordre alphabétique est toujours identique

Le code génétique est universel. Qu'il s'agisse de virus, de bactéries ou de mammifères hautement développés, la nature se sert toujours du même alphabet génétique, l'assemblage de couples de base dans les sections d'acides nucléiques pour synthétiser les éléments de la vie. Naturellement, pour les formes de vie primitives, l'acide nucléique est bien plus court que chez l'homme.

Une différence essentielle dans l'agencement des acides nucléiques chez les bactéries et chez l'homme a cependant été découverte, il y a quelques années, par des chercheurs américains: chez les bactéries, les segments d'acides nucléiques se suivent sans interruption dans la totalité de la molécule. Dans l'ADN humain, les segments d'acide nucléique sont interrompus de temps en temps par des interférences particulières, appelées



Ultrafiltration d'Interféron, obtenu à partir de cellules dont la production d'Interféron a été activée par un virus inoffensif.

introns. Les introns sont également des segments d'acides nucléiques qui, dans la mesure où l'on croit le savoir aujourd'hui, ne jouent aucun rôle dans la production des protéines. On n'est pas encore parvenu à percer le secret de leur destination naturelle.

Il est possible que les introns soient en corrélation avec le mécanisme qui règle la mise en circuit et la mise hors circuit des gènes. On sait que chaque cellule de l'organisme contient tout le matériel héréditaire d'un être vivant. Mais pour la destinée particulière des différentes cellules — c'est-à-dire pour savoir si une cellule va donner une cellule nerveuse ou une cellule rénale — seuls des segments d'acides nucléiques déterminés sont libérés. On suppose que le mécanisme de commande pour la lecture de l'information génétique totale est réprimé par certains gènes, que l'on appelle gènes répresseurs. Il est parfaitement possible qu'il soit donné un jour de déchiffrer les informations contenues dans les acides nucléiques et on estime que la cellule de l'homme contient 100 000 gènes, voire davantage.

Beaucoup de maladies d'origine génétique pourront alors voir leurs causes profondes déchiffrées et guéries. Cette constatation vaut sans doute même pour les maladies cancéreuses. Car, qu'elles aient été déclenchées par des virus, des rayons ou des produits chimiques, elles doivent avoir leur cause profonde dans les modifications des acides nucléiques des cellules de l'organisme. Il est possible que les différents cas de cancer apparaissent comme la conséquence de mutations spontanées dues à des erreurs lors de la réplication de certaines sections d'acides nucléiques. Certes, de telles erreurs génétiques sont reconnues et réparées habituellement par des enzymes particulières, mais, de temps à autre, le service de réparation des acides nucléiques peut avoir une défaillance. On sait que certaines substances cancérogènes, comme les benzopyrènes, sont dotées d'une affinité particulière pour les bases d'acides nucléiques, notamment la guanine.

Il est possible que, lors de l'apparition d'un cancer, la direction prise par l'hélice de la molécule d'acide nucléique

joue également un rôle. Par le passé, les biologistes moléculaires étaient d'avis que l'hélice ADN tournait toujours à droite. Mais en 1979, Alexander Rich, appartenant au célèbre Massachusetts Institute of Technology de Boston, a pu prouver que l'hélice ADN tourne occasionnellement aussi à gauche. On suppose que, lorsqu'il en est ainsi, les motifs de base ADN du type guanine sont plus fortement exposés aux substances cancérogènes.

Les virus servent de modèle

Ce furent d'abord les virus, qui prolifèrent uniquement dans les bactéries et que l'on appelle « phages », qui donnèrent les premières explications aux scientifiques sur le rôle de l'acide nucléique dans les cellules étrangères. Dans l'enveloppe du virus se trouve l'acide nucléique ADN chez certains types de virus et ARN chez d'autres. Si un phage pénètre dans la bactérie, la paroi virale reste à la surface de la cellule mais l'acide nucléique du virus prend le commandement à l'intérieur de la cellule. Il met hors circuit le matériel génétique de la bactérie.

Quelques minutes après qu'un virus a pénétré dans la bactérie-hôte commence la construction, la synthèse du matériel viral. Il en résultera des virus complets. Ceux-ci détruisent les cellules et les virus nouvellement produits et libérés se précipitent sur d'autres « victimes ». Toutefois, les virus qui avaient pénétré dans les cellules peuvent se maintenir en repos pendant de nombreuses générations de bactéries et donc ne pas proliférer. Des essais effectués essentiellement aux Etats-Unis avec de tels virus ont fourni des explications précieuses sur les acides nucléiques.

Des virus aux colibacilles

La raison pour laquelle les colibacilles et non les virus sont aujourd'hui les animaux domestiques préférés des généticiens réside, pour une part importante, dans la découverte de ce que l'on appelle les plasmides dans ces bactéries. Ils se composent d'ADN en anneaux.

Les plasmides incitent les bactéries à produire certains enzymes. Ces enzymes peuvent modifier les antibiotiques comme la pénicilline (hydrolyse) et les rendre par là inefficaces. C'est ainsi que ces bactéries deviennent résistantes à la pénicilline. Cette corrélation a pu être expliquée aussi bien par le bénéficiaire du prix Paul Ehrlich de 1980, Akiba, que par les Américains Stanley Cohen, Annie Chang, Herbert Boyer et Robert Helling (1973). Ils réussirent, avec les éléments génétiques (précisément les plasmides), à rendre les salmonelles résistantes à la streptomycine. L'acide nucléique des plasmides de salmonelles a été incorporé dans le plasmide des colibacilles, processus que l'on appelle également recombinaison. De cette manière, les colibacilles, auparavant sensibles à la streptomycine, étaient désormais résistants.

Avec de nouvelles combinaisons génétiques de ce genre, il est en principe possible de fabriquer toute protéine humaine ou animale. A l'heure actuelle, pour les généticiens, les protéines de premier plan ne sont disponibles qu'en très petites quantités. En font partie les hormones telles que l'insuline. Des millions de diabétiques en ont besoin parce que leurs propres cellules, les cellules bêta des îlots de Langerhans du pancréas, ne sécrètent pas, ou trop peu d'insuline. Dans certains cas, les cellules ne libèrent même pas d'insuline. Actuellement, on obtient l'insuline à partir des pancréas de bovins ou de porcs. En effet, ces insulines ne diffèrent de l'insuline humaine que par trois acides aminés ou un seul. Le nombre des diabétiques dans le monde croît en permanence; la prédisposition au diabète est héréditaire et aujourd'hui bien davantage de diabétiques que naguère mettent des enfants au monde. Il est donc à craindre que l'on ne manque un jour d'insuline.

Les chimistes spécialistes des protéines, et l'insuline en est une, ont pu élucider dès 1949/54 la composition chimique de l'insuline. Deux chaînes d'un total de 51

acides aminés sont reliées par des ponts de soufre. C'est surtout l'assemblage des deux chaînes, A et B, qui a posé les plus gros problèmes pour la synthèse de l'insuline, aujourd'hui réussie.

Les enzymes — véritables scalpels

Si on connaît la localisation d'un gène déterminé, par exemple celui de l'insuline, on doit pouvoir l'extirper en le découpant. Depuis quelques années déjà, ceci ne pose plus de problème puisque le Suisse Werner Arber de Bâle et les Américains Daniel Nathans et Hamilton Smith de Baltimore ont trouvé des enzymes qui scindent l'écheveau des acides nucléiques en un site déterminé. Cette découverte a valu aux chercheurs le Prix Nobel en 1978. Aujourd'hui, on connaît déjà plus de 50 substances appelées enzymes de restriction, car elles morcellent, en effet, les acides nucléiques. Les chirurgiens généticiens peuvent découper à volonté les torsades d'acides nucléiques. Pour la fabrication de l'insuline, ils se servent des cellules bêta des îlots de Langerhans. A partir de celles-ci, on isole l'ARN messager, qui porte le code génétique de l'insuline. A l'aide d'un enzyme, la transcriptase inversée, l'ARN est reconverti en ADN et peut alors être inclus moyennant plusieurs enzymes, appelés ligases, dans le plasmide découpé de la bactérie. Puis, on transmet ces nouveaux plasmides aux colibacilles qui les incorporent.

Il s'agit dès lors essentiellement de vérifier la stabilité des acides nucléiques des plasmides nouvellement combinés. Si l'opération génétique réussit, quelques clones de bactéries commencent vraiment à produire, suivant les nouvelles instructions génétiques, des protéines qui n'avaient jamais été programmées dans leur plan génétique. Vu la rapidité étonnante de la prolifération des microorganismes, déjà quelques heures après la réimplantation des plasmides, il existe d'innombrables générations de bactéries possédant toutes les acides nucléiques modifiés et, par là, des bases de production d'insuline.

Prix d'architecture UIA 1981

Le prix d'architecture Auguste-Perret a été décerné cette année aux architectes Günter Behnisch et associés, à Stuttgart, pour les constructions olympiques à Munich, remarquablement novatrices en matière de technologie appliquée.

Le prix Sir-Robert-Matthew a été décerné au professeur H.-W. Hämer, architecte, pour sa collaboration remarquable avec la population à l'occasion de l'établissement du projet d'assainissement berlinois « Block 118 ».

Les prix seront remis aux lauréats à l'occasion du Congrès mondial de l'UIA qui aura lieu à Varsovie du 15 au 21 juin 1981.

Bibliographie

L'encouragement à la propriété du logement par les institutions de prévoyance professionnelle

par J. Welti. — Une brochure A4, 68 pages. Prix: Fr. 5.50.

Cet ouvrage, conçu comme un guide, s'applique à montrer à l'aide d'exemples concrets comment les caisses de retraite seraient en mesure de consacrer davantage les capitaux dont elles disposent à l'accession de leurs membres à la propriété de logements. Trois variantes sont ainsi

présentées, avec des modèles détaillés de règlements.

Dans la première, l'institution de prévoyance prend à son compte l'obligation où est le destinataire d'amortir auprès d'une banque son hypothèque de rang inférieur. Dans la deuxième variante, les hypothèques de rang inférieur sont accordées par les institutions de prévoyance elles-mêmes. Dans la troisième, l'institution de prévoyance met à la disposition du destinataire, pour suppléer à l'insuffisance de capital propre, des « prêts à l'acquisition de logements », du montant des capitaux-vieillesse à son crédit.

Cette publication, volume n° 20 du Bulletin du logement publié

par l'Office fédéral du logement: « L'encouragement à la propriété du logement par les institutions de prévoyance professionnelle », présente le résultat d'une nouvelle étape des travaux de recherche en cours sur le problème de la répartition de la propriété de logements. Elle comprend 68 pages et se commande (n° 725020 d) auprès de l'OCFIM (Office central fédéral des imprimés et du matériel), 3000 Berne, auprès du Centre suisse d'études pour la rationalisation du bâtiment CRB, Seefeldstrasse 214, 8008 Zurich, ou en librairie. La traduction française du volume 20 est en cours et doit paraître à l'automne 1981.