Zeitschrift: Horizons : le magazine suisse de la recherche scientifique
Herausgeber: Fonds National Suisse de la Recherche Scientifique
Band: - (2000)
Heft: 46

Artikel: Génome déchiffré: et maintenant?
Autor: Schatz, Gottfried
DOI: https://doi.org/10.5169/seals-971464

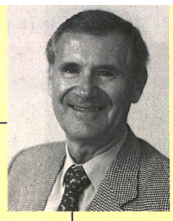
Nutzungsbedingungen
Die ETH-Bibliothek ist die Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften auf E-Periodica. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Zeitschriften und ist nicht verantwortlich für deren Inhalte. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern beziehungsweise den externen Rechteinhabern. 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: 10.07.2025

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



Le Prof. Gottfried Schatz est président du Conseil suisse de la Science et de la Technologie et ancien conseiller à la recherche du Fonds national suisse.

Génome déchiffré: et maintenant?

Le plan a été réalisé plus vite que prévu. La Human Genome Project Organization (HUGO) fondée en 1986 sous l'impulsion de biologistes qui souhaitaient étudier la structure chimique du patrimoine génétique humain dans son intégralité – le génome humain – au sein d'une communauté de travail internationale, estimait alors que cette étude durerait deux décennies environ. Grâce à l'énorme progrès de l'automation et à la participation inattendue d'une société privée, la course s'est terminée en un finish éclair. Le 26 juin, le président Bill Clinton en personne déclare: «Le décodage du patrimoine génétique de l'homme est achevé!»

Ce n'est pas tout à fait correct, car quelque 5% du génome attendent encore d'être découverts. L'assemblage des dernières pièces de cette mosaïque gigantesque pourrait demander encore beaucoup de travail et poser de nombreux problèmes; nous ne sommes pas en mesure de définir indubitablement certaines pièces avec les méthodes actuelles. Et pourtant la course à proprement dit est finie.

Les trois milliards de lettres qui définissent notre patrimoine génétique, sont étalés là, devant nous. Que reste-t-il à faire?

Pratiquement tout. Nous possédons certes le texte intégral de cette épopée et nous sommes en mesure de le lire mais nous n'en comprenons que de minuscules fragments. Parmi les 70 000 à 100 000 dispositions héréditaires discrètes – les gènes – qui se trouvent dans notre génome, nous ne connaissons la fonction que de quelques centaines seulement. Nous sommes donc en présence de presque 100 000 gènes qui attendent encore d'être interprétés. Presque chacun d'entre eux représente le plan structural d'une protéine bien spécifique. A quoi ressemblent les protéines encore inconnues? Quelles fonctions remplissent-elles? A quel endroit de la cellule se trouvent-elles? Opèrent-elles en solitaires ou sont-elles liées à d'autres protéines? A quel réseau fonctionnel participent-elles? Est-il possible d'évaluer d'avance et avec précision ou d'influencer sélectivement à l'aide de médicaments le mode de comportement de ces réseaux? Et que signifient les longs segments qui se trouvent entre les gènes et en subdivisent de nombreux en plus petits fragments? Ces segments constituent vraisemblablement jusqu'à 97% de notre génome mais nous ne savons rien d'eux. Les gènes à proprement dit représentent donc moins de 3% de notre génome et de ces 3% nous n'avons su interpréter que 0,1% jusqu'à ce jour. Notre compréhension du génome humain se restreint donc à quelque 0,003%. Ce calcul est dégrisant. Qui oserait parler de véritable décodage du patrimoine génétique de l'homme, devant ces chiffres?

HUGO et ses concurrents ont accompli un travail impressionnant mais ce travail était unidimensionnel tout comme les supports très fins d'ADN dans lesquels nos gènes sont inscrits. Les interactions fonctionnelles entre ces gènes ne pourront être comprises que si l'on se place sur un niveau pluridimensionnel. La lauréate du Prix Nobel Barbara McClintock, après avoir participé à un congrès de biologie moléculaire, aurait posé la question: «Where have all the biologists gone?» Car dès maintenant, on va avoir plus que jamais besoin de biologistes qui soient en mesure de penser en catégories interdisciplinaires et qui ne se contentent plus d'être des spécialistes de leur propre domaine bien limité.

C'est une grande chance que la Suisse se doit de saisir. Les biologistes suisses comptent parmi l'élite mondiale, surtout grâce à la solide formation que nos universités leur procurent. Ces institutions doivent enfin se décider à abattre les lignes de démarcation qui séparent les disciplines biologiques traditionnelles, car les généticiens «purs», les biologistes de structure, les biochimistes ou les biophysiciens seront de moins en moins demandés à partir de maintenant. Si nos universités se montrent à la hauteur de ce défi, la biologie suisse pourra conserver même durant l'ère post-génomique son image de marque, résumée par ces mots: «Petite, mais raffinée».

G. S.