Le projet ENCODE a mis en évidence une activité dans 80% de l'ADN humain

Publié le 06.09.12 | Par Gilles Camus

Seule une toute petite partie du génome humain correspond au 21 000 gènes de notre espèce. À quoi sert le reste ? Le projet ENCODE répond à cette question.

La molécule d'ADN, longue chaîne de nucléotides, est le support de l'hérédité. Chez l'Homme, le génome est composé d'environ 3,3 milliards de paires de bases réparties en 46 chromosomes.

Cependant, seul un faible pourcentage de cette longue séquence de nucléotides a pour fonction établie de diriger la synthèse des protéines, via une étape de transcription en ARN messager puis de traduction de cet ARN messager en chaîne d'acide aminés. En effet, grâce au projet Génome humain, amorcé en 1988, on sait que l'ADN codant les près de 21 000 gènes humains représente environ 2 à 3 % seulement de l'ADN total. Si certaines fonctions des séquences non codantes sont connues depuis longtemps, notamment dans la régulation de l'expression des gènes, le rôle éventuel de la majorité du génome restait une grande inconnue.

Le projet ENCODE (*Encyclopedia of DNA Elements*) auquel ont participé 442 chercheurs, s'est attaché à rassembler et synthétiser les résultats de 1640 études (portant sur 147 types cellulaires) concernant les fonctions de l'ADN, y compris non codant. Les résultats sont spectaculaires puisque ce projet a permis d'identifier une activité, dans au moins un type cellulaire, pour 80 % de l'ADN humain (voir référence ci-dessous). En plus des parties codantes, ont été identifiées plus de 4 millions de séquences régulatrices, 8 800 séquences codant des petits ARN, 9 600 codant des longues molécules d'ARN non codant, et 11 224 pseudogènes. Par ailleurs, il apparaît que les gènes peuvent êtres physiquement recouvrants, avec de nombreux points de début et de fin.

La synthèse de cette somme de résultats laisse apparaître une complexité, mais aussi une finesse de régulation de l'information génétique, qui dépasse largement ce qui est actuellement connu. Or c'est cette régulation qui est à la base de la différence qui existe entre les types cellulaires. Il s'agit donc d'un résultat considérable sur le plan fondamental, qui ouvre également des perspectives dans la compréhension de certaines maladies, permettant peut-être, à terme, de les traiter.

Référence :

- An integrated encyclopedia of DNA elements in the human genome. The ENCODE Project Consortium. Nature (2012) 489:57-74. (Texte intégral)

CRÉDITS

AUTEUR(S)/AUTRICE(S) ET MISE EN LIGNE

Gilles Camus

Professeur agrégé de SVT. Il a été le responsable éditorial du site Planet-Vie de 2004 à 2016.

LICENCE DU TEXTE DE L'ARTICLE

VOIR MENTIONS LÉGALES