Veille citoyenne d'information sur les OGM et les semences

Projet ENCODE – Décryptage technique

Par Eric MEUNIER

Publié le 31/05/2007, modifié le 09/03/2026

Le projet Encode [1] fut lancé en 2003 par l'Institut états-unien de recherche sur le génome humain (NHGRI). Son objectif est d'identifier les éléments fonctionnels de la séquence du génome humain. Le consortium de ce projet a publié ses résultats. Inf'OGM s'en est fait l'écho dans le dernier numéro (n°88) de son bulletin bimestriel, et complète dans cet article par les principaux résultats techniques obtenus. Tous vont dans le sens d'une plus grande complexité du fonctionnement du génome. Les auteurs les résument comme suit :
– le génome est amplement transcrit, impliquant que la majorité des bases le constituant sont associées avec au moins un transcrit ARN primaire et que plusieurs transcrits sont issus de régions éloignées les unes des autres ;
– plusieurs nouveaux transcrits ont été identifiés, certains recouvrant plusieurs loci codant pour une protéine et d'autres étant issus de zones considérées précédemment comme silencieuses ;
– plusieurs nouveaux sites de démarrage de transcription ont été identifiés ;
– l'accessibilité de la chromatine ainsi que les modifications du profil des protéines histones peuvent permettre de prédire la présence et l'activité de sites de transcription ;
– une nouvelle lecture des éléments sujets aux pressions de sélection.
Tous ces résultats offrent donc une image de l'activité du génome plus complexe que celle qui prédominait (le dogme : une protéine - un gène) qui avait justifié la mise au point de la transgénèse.

[1] "Identification and analysis of functional elements in 1% of the human genome by the ENCODE pilote project", The ENCODE project consortium, juin 2007, Nature 447, 799-816, http://www.nature.com/nature/focus/...

Adresse de cet article : https://infogm.org/projet-encode-decryptage-technique/