

## TRANSMISSION DE L'INFORMATION GENETIQUE

Jacques PIETTE

Depuis la publication au cours du printemps de l'année dernière de la séquence complète du génome humain, les génomes de nombreux organismes uni- et pluricellulaires ont été isolés, clonés puis séquencés. L'analyse et l'exploitation, par de nombreux chercheurs dans le monde, de la quantité énorme d'informations générées par le séquençage des génomes va maintenant prendre de nombreuses années, mais conduira inexorablement à une meilleure compréhension du fonctionnement des organismes vivants dans leur environnement, de l'origine de nombreuses pathologies, des susceptibilités individuelles vis-à-vis de traitements thérapeutiques jusqu'à la mise au point d'outils moléculaires performants qui permettront le diagnostic précoce de pathologies. Cependant, l'exploitation de toutes ces données va devoir se réaliser selon un canevas qui est identique. Tout d'abord, il va falloir repérer les gènes (régions codantes) parmi les séquences immenses qui ne contiennent pas d'informations génétiques et appelées non-codantes. Cela se fait principalement par analyse bio-informatique, ce qui nécessite l'utilisation d'ordinateurs puissants et de logiciels complexes. Une fois les gènes repérés, il est nécessaire d'identifier le ou les RNA messenger(s) qui sont transcrits et la ou les protéine(s) qui sont traduite(s). Nous allons donc passer de l'étude du génome (*genomics*) à celle du transcriptome qui correspond à l'identification de tous les mRNA (*transcriptomics*) et à celle du protéome qui correspond à l'identification de toutes les protéines produites à un instant donné par une cellule (*proteomics*). Ces étapes sont maintenant possibles car les biologistes moléculaires ont décrypté le code génétique qui est utilisé par les organismes

vivants pour transformer l'information génétique contenue dans le génome en information exprimée sous la forme de protéines. Bien que le code génétique soit utilisé de manière universelle par tous les organismes vivants, certaines particularités sont apparues au cours de l'évolution expliquant des différences mineures dans l'utilisation de certains codons. La quantité énorme d'informations génétiques publiée au cours de ces cinq dernières années nous permet d'anticiper un essor extraordinaire des sciences biologiques et des applications qui vont en découler dans de nombreux domaines comme l'agronomie, la médecine ou la biotechnologie.

*Laboratoire de Virologie et d'Immunologie, Institut de Pathologie B23, Université de Liège,  
B-4000 Liège, Belgique.*