

Génomique environnementale - Les Cahiers Prospectives CNRS

Sous ce titre, vient d'être publié un travail collectif richement illustré dont nous faisons état à la suite par quelques extraits, accompagnés d'une sélection d'articles complémentaires sur le sujet.

[Jacques HALLARD](#), Ingénieur CNAM – 08 novembre 2013.

UNE PROSPECTIVE DE L'INSTITUT ECOLOGIE ET ENVIRONNEMENT N°5 - OCT 2013

Coordination de l'ouvrage [100 pages] : Stéphanie Thiébault, Directrice de l'Institut écologie et environnement du CNRS ; Martine Hossaert, Directrice adjointe scientifique de l'Institut écologie et environnement du CNRS ; Dominique Joly, Chargée de mission de l'Institut écologie et environnement du CNRS.

En avant-propos

« Avec le développement de nouvelles générations de séquençage (NGS), aussi appelées nouvelles technologies de séquençage (NTS), ce début de 21^e siècle est marqué par la levée d'un verrou technologique majeur en biologie. Parce qu'elles augmentent significativement le niveau de production des séquences nucléotidiques par rapport au séquençage classique (Sanger), les NGS modifient de manière irréversible les recherches en écologie, évolution et sciences de l'environnement. Cette révolution technologique permet l'émergence d'un champ disciplinaire jusque-là inaccessible, la génomique* environnementale... »

« Ce cahier de prospective en génomique environnementale reflète l'effervescence scientifique portée par les NGS au coeur des thématiques de l'INEE du CNRS. Il est l'aboutissement de la réflexion du RTP-GE [Réseau Thématique Pluridisciplinaire Génomique Environnementale] à l'issue de 3 années d'activité... »

« Loin d'être un aboutissement, ce cahier de prospective, issu d'un travail collaboratif et pluridisciplinaire, a vocation à soutenir et amplifier des nouvelles dynamiques de recherche aux plans national et international. ».

Introduction

« La génomique environnementale regroupe l'ensemble des connaissances acquises sur les organismes et écosystèmes présents et passés par l'analyse de la séquence des gènes, génomes, métagénomes, transcrits, transcriptomes et métatranscriptomes. Ainsi, en combinaison avec d'autres technologies et observations, la génomique environnementale informe sur la taxinomie* et la diversité des organismes actuels et fossiles (individus, populations, communautés), leur phylogénie* et évolution, leurs potentialités et capacités d'adaptation et d'acclimatation, leur biologie, leurs traits fonctionnels, et leurs interactions avec l'environnement dans ses dimensions biotique et abiotique ».

« Les nouvelles générations (technologies) de séquençage (NGS/NTS) de l'ADN permettent un niveau de production de données en (méta) génomique structurale et fonctionnelle encore inimaginable il y a quelques années. Les NGS modifient profondément et durablement les stratégies expérimentales en évolution, biodiversité et écologie des organismes et écosystèmes présents et passés, mais aussi le regard scientifique porté sur les populations humaines, ainsi que la représentation du Vivant. Les NGS concernent tous les domaines du vivant, Archées, Eucaryotes et Bactéries ainsi que les Virus, et permettent d'accéder à des groupes taxinomiques encore inconnus. Cette révolution technologique crée de nouvelles opportunités scientifiques, renouvelle les itinéraires techniques et méthodologiques, et appelle de nouveaux besoins en formations initiales et permanentes des différentes communautés scientifiques relevant du CNRS-INEE et ses partenaires nationaux et internationaux ».

« Les premières technologies de séquençage ont émergé dans les années 1970 et ont été utilisées pour le séquençage des premiers génomes et métagénomes dès la fin des années 1990. Elles ont contribué à l'émergence de la génétique et génomique structurales et fonctionnelles, la phylogénie et la taxinomie moléculaires*, ainsi que le développement de marqueurs moléculaires de taxons ou code-barres ».

« Les nouvelles générations (technologies) de séquençage (NGS/NTS) émergent au milieu des années 2000 avec la commercialisation de technologies dites de seconde génération : Solid par Life-technologies, Solexa par Illumina* et pyroséquençage 454* par Roche sont les plus utilisées. L'émergence de ces nouvelles technologies assure la production d'un nombre très important de séquences ADN et simultanément une baisse drastique de leur coût. La conjonction de ces deux caractéristiques a assuré une propagation rapide des NGS dans les laboratoires de recherche académique et du secteur privé liés aux sciences de la vie et de l'environnement... »

« Le CNRS-INEE a créé le Réseau Thématique Pluridisciplinaire Génomique Environnementale (RTPGE 2011-2013) afin d'identifier la communauté scientifique active en génomique environnementale, d'améliorer sa visibilité et de soutenir ses propositions dans une perspective de programmation de la recherche, mais aussi de favoriser les échanges de savoirs et savoir-faire au sein de cette communauté en émergence ».

« Au-delà de la mise en valeur d'actions disciplinaires relevant de l'écologie fonctionnelle, l'écologie des communautés, la biologie évolutive, la paléobiologie, la taxinomie moléculaire et la biodiversité, le RTP-GE a révélé une demande forte d'association d'expertises différentes sur un même objet biologique ou écosystème afin d'exploiter au mieux la richesse des données accessibles grâce aux NGS aux et autres approches omiques ».

Crédit photos/Illustrations : © CNRS. Accès au document complet sur le site suivant : <http://www.cnrs.fr/fr/pdf/inee/inee-genomique-environnementale/#/8/>

Articles complémentaires sur la génomique

* **Séquençage de l'ADN** - Introduction d'un article de Wikipédia

Le **séquençage de l'ADN** consiste à déterminer l'ordre d'enchaînement des [nucléotides](#) pour un fragment d'[ADN](#) donné.

La [séquence d'ADN](#) contient l'information nécessaire aux êtres vivants pour survivre et se reproduire. Déterminer cette séquence est donc utile aussi bien pour les recherches visant à savoir comment vivent les organismes que pour des sujets appliqués. En [médecine](#), elle peut être utilisée pour identifier, diagnostiquer et potentiellement trouver des traitements à des [maladies génétiques](#). En [biologie](#), l'étude des séquences d'ADN est devenue un outil important pour la [classification des espèces](#).

Sommaire

- [1 Historique](#)
- [2 Méthodes](#)
 - o [2.1 Méthode de Sanger](#)
 - o [2.2 Méthode de Maxam et Gilbert](#)
- [3 Séquençage de génome entier](#)
 - o [3.1 Ordonnement hiérarchique](#)
 - o [3.2 Méthode globale ou Shotgun](#)
- [4 Autres méthodes](#)
 - o [4.1 Séquençage par hybridation](#)
 - o [4.2 Séquençage haut débit \(HTS\)](#)
- [5 Notes et références](#)
- [6 Voir aussi](#)
 - o [6.1 Articles connexes](#)
 - o [6.2 Lien externe](#)

Article à découvrir sur : http://fr.wikipedia.org/wiki/S%C3%A9quen%C3%A7age_de_l_%27ADN

*** Séquençage à haut débit (NGS)** – Document du Québec Canada.

Les méthodes de séquençage à ultra-haut débit (appelés de nouvelle génération, ou next-generation sequencing **NGS**) sont la voie l'avenir pour les études en diversité génétique et évolution moléculaire, mais concevoir de telles expériences peut être intimidant.

La formation consiste en une présentation d'environ 30 minutes, qui résume les différentes caractéristiques des principales plateformes de séquençage couramment disponible et, plus important, qui présente les étapes et les coûts probables de quelques études types. L'auditoire cible est les chercheurs et étudiants du CSBQ qui souhaitent éventuellement utiliser ces technologies pour leur projet de recherche, mais qui ne sont pas encore familiers avec les étapes en laboratoire et les coûts associés. Vous êtes invités à manifester votre intérêt à [Annie Archambault](#).

Un deuxième volet est pratique pourrait aussi être offert, selon l'intérêt. Les participants auraient à travailler avec un jeu de données disponible sur [GenBank SRA](#), et à analyser les lectures (reads) avec des logiciels libres.

Liste des études de cas présentés dans le premier volet

- [Évaluation de la diversité des communautés bactérienne dans les sols arctiques](#)
- [Séquencage des paralogues de 11 espèces de pâturin polyploïdes \(sans clonage !\)](#)
- [Isolation de nouveaux loci microsatellites \(SSR\) pour plusieurs organismes variés](#)
- [Découverte de plusieurs milliers de SNPs sur quelques dizaines d'échantillons de souris à pattes blanches, par ddRADseq](#)

Source : <http://qcbs.ca/fr/formation/ateliers/sequencage-a-haut-debit-ngs/>

*** Génomique : les méthodes de séquençage d'acides nucléiques et l'acquisition des données** - Cours Université d'Angers Biochimie Enzymologie

Bioinformatique

1. Introduction

[a.](#) "Préhistoire" et technologies modernes du séquençage

[b.](#) Quelques exemples d'apports du séquençage

[2.](#) Détermination des séquences en nucléotides par la méthode historique de Frederick Sanger

[3.](#) Méthode du pyroséquencage

[4.](#) Les nouvelles technologies de séquençage à très haut débit ("next-generation high-throughput DNA sequencing technologies" - NGST)

[5.](#) Séquençage du transcriptome

[6.](#) Les technologies de demain ?

[7.](#) Stratégies de séquençage des génomes : méthode hiérarchique vs. méthode en "vrac"

[8.](#) L'assemblage : les contigs

[9.](#) Liens Internet et références bibliographiques

Document pédagogique à consulter sur le site : <http://biochimej.univ-angers.fr/Page2/COURS/9ModulGenFoncVeg/5MethEtudGenFonc/1MethodeSEQUENGAGE/1SEQUENGAGE.htm>

*** Séquençage de l'ADN : les grands enjeux industriels des nouvelles technologies aux Etats-Unis (Partie 4)**

Auteure : Lisa Treglia, deputy-inno@ambascience-usa.org

Retrouvez toutes nos activités sur <http://france-science.org>

Partie 4 : La situation des entreprises de biotechnologies spécialisées dans les matériels de laboratoire

Dans le dernier article publié [1], nous avons vu que les grands mouvements de

l'industrie pharmaceutique et du diagnostic dans le domaine du séquençage. Dans cet article, nous allons explorer les enjeux des fabricants de technologies de séquençage.

4.1 Les enjeux industriels

Le premier "décryptage" du génome humain, achevé en 2003, avait nécessité plus de dix ans de travail et un investissement de près de 3 milliards de dollars. Depuis, et avec le lancement de nombreux nouveaux projets dans le séquençage (comme les 1.000 génomes, ENCODE...), plusieurs sociétés se sont lancées dans la course pour développer la machine la plus efficace. L'objectif est simple : il s'agit d'analyser un génome humain le plus rapidement possible avec un coût inférieur à 1.000 dollars par génome. Plusieurs sociétés ont contribué à faire progresser la technologie et à abaisser les coûts. Pour équiper les labos de recherche qui tournent à plein régime, une poignée de firmes américaines développent et vendent des machines complexes, dont la valeur dépasse le demi-million de dollars.

Les 3 principaux développeurs (Illumina, Life technologies et Roche) sont spécialisés dans le matériel de laboratoire et la fabrication d'agents-réactifs. Leur objectif commercial est par conséquent de devenir le principal fournisseur des laboratoires et de développer la technologie de séquençage la plus utilisée dans le domaine académique et pharmaceutique. Ils essaient également de développer leurs technologies de séquençage en outil de diagnostic. Ainsi, Illumina a démarré en 2012 un projet (d'une durée de 5 ans) pour la Food and Drug Administration (FDA) de détection de Salmonelles dans l'alimentation grâce à leur séquenceur MiSeq.

D'autres entreprises s'investissent dans le séquençage : elles sont plus jeunes et moins importantes en terme de chiffre d'affaires et de renom que les précédentes. Parmi ces jeunes sociétés, il faut citer : Pacific Biosciences, GeniaChip, BioNano Genomics, Nabsys, Noblegen, Oxford Nanopore, Stratos Genomics.

4.2 Stratégie de fusion et acquisition : le rachat de Life Technologies par Thermo Fisher

Life Technologies [2] est un groupe américain international de biotechnologies, un des leaders mondiaux du marché des réactifs et systèmes biotechnologiques. Présent dans plus de 180 pays, Life Technologies propose un portefeuille de 50.000 produits couvrant tout le spectre de recherche dans les sciences de la vie (SDV): la recherche translationnelle, le diagnostic et la médecine moléculaires, les thérapies basées sur les cellules souches, la médecine légale, la sécurité alimentaire et la santé animale.

Le groupe Life Technologies s'est constitué par des fusions acquisitions de plusieurs entreprises. Life Technologies, Inc. a été initialement fondé en 1983 par la fusion entre Bethesda Research Laboratories, Inc. (BRL) et GIBCO Corp. (Grand Island Biological Company). Life Technologies, Inc. a été racheté en 2000 par Invitrogen. En 2008, Invitrogen a racheté Applied Biosystems et les deux entités sont devenues un seul et même groupe: Life Technologies, corp. Life Technologies est donc aujourd'hui constitué par les entreprises suivantes, toutes de renommée mondiale:

- Ion Torrent,
- Applied Biosystems,
- Invitrogen,

- GIBCO,
- Ambion,
- Molecular Probes,
- Novex,
- Compendia Biosciences
- Pinpoint Genomic
- Navigenics

Life Technologies, dont le siège social est basé en Californie, a réalisé un chiffre d'affaires de 3,8 milliards de dollars en 2012 avec un bénéfice de 431 millions de dollars. Le groupe emploie environ 10 400 salariés.

Comme nous l'avons vu dans la première partie de cette série d'articles [3], le groupe Life Technologies figure parmi les 3 leaders dans le domaine des nouvelles technologies du séquençage avec Roche et Illumina. Ses séquenceurs sont :

- SOLiD, développé par Applied Biosystems, qui concurrence le HiSeq d'Illumina
- PGM (Personal Genome Machine) et Ion Proton (seconde génération) d'Ion Torrent. Ces 2 dernières ont plutôt la taille du MiSeq d'Illumina.

Sa division de séquençage d'ADN, Ion Torrent, département extrêmement rentable du groupe, a toujours fait l'objet de convoitises, ce qui avait poussé l'entreprise de biotechnologies à annoncer mi-janvier qu'elle explorait des "options stratégiques". Ion Torrent a été fondée par Jonathan Rothberg (fondateur de 454 Life Sciences). Elle a été achetée par Life Technologies en 2010. [4]

Thermo Fisher Scientific est une multinationale américaine, dont le siège social est basé à Waltham dans le Massachusetts, qui fournit du matériel de recherche et d'analyses aux laboratoires pharmaceutiques et de recherche académique. Elle a été créée en 2006 par la fusion de Thermo Electron Corporation et de Fisher Scientific. Avec un chiffre d'affaires de 13 milliards de dollars et 39.000 employés, l'entreprise est classée numéro un mondial dans le secteur de la fabrication d'équipements pour laboratoire (hors diagnostic in vitro). Jusqu'au début d'année 2013, Thermo Fisher Scientific n'était pas présent dans le créneau des nouvelles technologies de séquençage de l'ADN. Cependant, lundi 15 avril 2013, Thermo Fisher Scientific a annoncé le rachat de la société californienne Life Technologies pour environ 13,6 milliards de dollars. Une des premières grosses acquisitions de l'année dans le domaine des biotechnologies. Thermo Fisher s'est engagée à acheter chaque action de Life Technologies à 76 USD en numéraire. Thermo Fisher Scientific prévoit également de reprendre la dette développée Life Technologies au moment du bouclage de la transaction prévu début 2014. Elle était évaluée 2,2 milliards de dollars fin 2012. Thermo Fisher Scientific a emprunté 12,5 milliards de dollars auprès de plusieurs banques et d'autres institutions financières pour lancer une offre publique d'achat de 2,2 milliards de dollars. [5] [6]. Le rapprochement entre les deux entreprises de biotechnologies devrait aussi générer des synergies de 275 millions de dollars, principalement en réduction des coûts.

Comme le soulignait le directeur général de Thermo Fisher, Marc Casper, lors d'une conférence téléphonique avec des analystes [7] : "L'acquisition de Life Technologies répond aux trois priorités de notre stratégie de croissance: innovation technologique, valeur du portefeuille clients et expansion dans les marchés émergents",

Ce rachat va permettre à Thermo Fisher Scientific de consolider sa position dans le domaine des équipements et des tests pour laboratoires biomédicaux et de prendre une position dominante dans le secteur en forte croissance des biotechnologies. Grâce à cette opération, Thermo Fisher Scientific étend sa part de marché dans le domaine très prometteur du séquençage du génome humain ainsi que celui du diagnostic. Le groupe entend également concurrencer l'entreprise Illumina qui occupe aujourd'hui 64% du marché américain des nouvelles générations de séquenceurs (estimé à 1,1 milliard de dollars) contre 22% pour Ion Torrent (principal concurrent d'Illumina) [4] [8].

Thermo Fisher Scientific a gagné la bataille contre Roche qui avait également les yeux braqués sur Life Technologies. Mais c'est une histoire qui reste à suivre, car apparemment Roche aurait toujours des vues sur Ion Torrent [9].

4.3. Développement de nouveaux acteurs

Nous ne pouvons pas finir cette partie sans parler de la jeune entreprise britannique, Oxford Nanopore Technologies, dont la technologie de séquençage est très prometteuse et très attendue. Elle permet le séquençage et l'analyse à haut-débit de séquences de taille ultra longue en temps réel à faible coût (moins de 1.000 dollars) [10] :

Le séquençage par nanopores est une technologie prometteuse puisqu'elle permet de déterminer une séquence ADN à la résolution du nucléotide sans aucune amplification, par lecture directe. Les différentes bases peuvent être déterminés en temps réel grâce au courant qui traverse le pore, avec une grande précision (99,8%) et à faible coût. La longueur de lecture est aussi plus grande que celle des autres technologies. Une molécule unique d'ADN traverse un pore formé par une protéine ancrée dans une bicouche lipidique par application d'un potentiel. Une enzyme (exonucléase) clive chaque nucléotide à l'entrée du nanopore et celui-ci est alors détecté de façon électronique. Aucun traitement ni marquage préalables ne sont nécessaires et de faibles quantités d'ADN suffisent.

Ses deux produits, présentés lors de divers congrès sont [11] :

- Le Minlon , une grosse clé USB jetable (dont le prix serait inférieur à 900 USD), capable de lire directement l'ADN (jusqu'à 1Gb de données) à partir d'un échantillon de sang. Il a été testé sur des génomes simples (virus, bactéries) et a démontré son efficacité en séquençant l'ADN en quelques secondes.
- Le Gridlon, de plus grande taille, permet quant à lui de générer, par module, plusieurs dizaines de Gb / jour

Oxford Nanopore Technologies est l'un des seuls acteurs européens, dans le monde du séquençage haut-débit où l'hégémonie californienne est écrasante... Le lancement des deux machines, qui était prévu en 2012, a été repoussé pour la fin d'année 2013 [12] [13].

Illumina avait signé en 2009 un accord de commercialisation de certaines technologies de séquençage d'Oxford Nanopore Technologies [14]. Ce contrat ne comprend pas la technologie du Minlon et Gridlon mais permet toutefois à Illumina de négocier avec Oxford Nanopore Technologies si cette dernière décide de commercialiser ces deux produits par un intermédiaire. Depuis 2011, un litige est survenu entre les deux entités, qui mettra fin à ce contrat en 2016. Illumina est en train de développer sa propre

technologie de séquençage par nanopore.

Comme nous l'avons vu, la plupart des entreprises dominantes dans le domaine du séquençage sont américaines. Les entreprises rachetées par Roche pour son positionnement dans le séquençage sont également américaines. Enfin, les startups et PME innovantes développant des technologies de séquençage sont pour la plupart américaines (et marginalement britanniques ou allemandes), aucune n'est française. Ce constat s'explique en partie par le fait que les entreprises françaises se focalisent plutôt sur les thérapies que sur les machines. Pour certains experts que nous avons consultés, cette situation peut à l'avenir exposer la France à manque de savoir-faire difficilement rattrapable. Le développement des jeunes entreprises françaises reste encore difficile (problème de culture, difficultés de financement...).

Nous devons cependant citer le programme France-Génomique [15] qui a été créé en 2010 grâce à un financement "Investissement d'avenir" et doté de 60 millions d'euros. Cette infrastructure a pour but d'optimiser et de renforcer les capacités françaises dans le domaine de la génomique à haut débit et de la bioinformatique associée et pouvoir par conséquent placer et de maintenir la France à un haut niveau de compétitivité de performance à l'échelle internationale.

Pour en savoir plus - Contatcs :

- [1] BE Etats-Unis 337 du 28/06/2013 "Séquençage de l'ADN : les grands enjeux industriels des nouvelles technologies aux Etats-Unis (Partie 3)" <http://www.bulletins-electroniques.com/actualites/73407.htm>
- [3] BE Etats-Unis 334 du 7/06/2013 Séquençage de l'ADN - Partie 1 : Les grands enjeux industriels des nouvelles technologies aux Etats-Unis
- [10] "NEW USB DNA SEQUENCER ALLOWS ANYONE TO ANALYZE GENES", the LabWorldGroup, 16/05/2013
- [15] Site internet de France Génomique <https://www.france-genomique.org/spip/>

Références :

- [2] site internet de Life Technologies : <http://www.lifetechnologies.com/us/en/home.html>
- [4] "Thermo Fisher Bullish on Ion Torrent Future as It Agrees to Buy Life Tech for \$13.6B", Tony Fong, Genomeweb, 16 avril 2013.
- [5] "Thermo Fisher Secures \$12.5B Loan Agreements to Fund Purchase of Life Tech", Genomeweb, 5 juin 2013, <http://redirectix.bulletins-electroniques.com/8QOmB>
- [6] "Thermo Fisher Plans Public Offering of \$2.2B to Fund Life Tech Buy; Expects Another FTC Request", Genomeweb, 6 juin 2013, <http://redirectix.bulletins-electroniques.com/VFtwl>
- [7] "Thermo Fisher Buying Life Technologies for \$13.6B", Genomeweb, 15 avril 2013
- [8] "Ion Torrent Users Cautiously Optimistic on Thermo Acquisition", Monica Heger, Genomeweb, 23 avril 2013.
- [9] "Roche Exits Semiconductor, Nanopore Sequencing; Cuts 60 Positions at 454 as It Builds New NGS Unit", Julia Karow, Genomeweb, 23 avril 2013.
- [11] site internet de Oxford Nanopore Technologies : <https://www.nanoporetech.com/>
- [12] "Oxford Nanopore, Illumina to Cut Ties", Genomeweb, 7 juin 2013 <http://redirectix.bulletins-electroniques.com/HsoqV>
- [13] "Oxford Nanopore Disputes Comments by Illumina CEO", Genomeweb, 17 juin 2013 <http://redirectix.bulletins-electroniques.com/T554Z>

- [14] "With Oxford Nanopore Stake, Illumina Makes Another Claim In Third-Generation Sequencing", Julia Karow, Genomeweb, 13 janvier 2009.

Origine : BE Etats-Unis numéro 339 (19/07/2013) - Ambassade de France aux Etats-Unis / ADIT - <http://www.bulletins-electroniques.com/actualites/73606.htm>
Bulletins-electroniques.com tous droits réservés - votre contact : [François Moille](#)

A lire également :

Séquençage de l'ADN - Les grands enjeux industriels des nouvelles technologies aux Etats-Unis :

Partie 1 : Le paysage actuel du séquençage

<http://www.bulletins-electroniques.com/actualites/73215.htm>

Partie 2 : Les grandes manœuvres de l'industrie pharmaceutique et des sociétés de diagnostic

<http://www.bulletins-electroniques.com/actualites/73391.htm>

Partie 3 : L'OPA de Roche sur Illumina préfigure-t-elle d'autres mouvements hostiles ?

<http://www.bulletins-electroniques.com/actualites/73407.htm>

Source : <http://www.bulletins-electroniques.com/actualites/73606.htm>

* **Que sont les sciences "omiques" ?** Adapté et tiré de V. Ozdemir, G. Suarez-Kurtz, R. Stenne, A. A. Somogyi, S. O. Kayaalp and E. Kolker (2009) "Risk assessment and communication tools for genotype associations with multifactorial phenotypes: the concept of 'edge effect' and cultivating an ethical bridge between omics innovations and society" OMICS: Journal of Integrative Biology 13(1): 43-62. Traduit par T. Hurlimann.

Les technologies dites «**omiques**» telles que la génomique et le séquençage de l'ADN à grande échelle sont apparues parallèlement au développement du projet Génome Humain dans les années 90. Selon une analyse étymologique, le suffixe «omique» tire son origine du mot sanscrit «OM», qui désigne la complétude et la plénitude (*NDT: en anglais, completeness and fullness*) (Lederberg, McCray, 2001).

En combinant le mot «gène» avec ce suffixe, Hans Winkler a créé le terme «génom(e)» pour se référer à «l'ensemble des chromosomes haploïdes qui, avec le protoplasme, constituent les fondations de base de l'espèce [...]» (Winkler, 1920, Traduction libre). Victor McKusick et Frank Ruddle ont ajouté le terme «génomique» au lexique scientifique en l'utilisant comme titre de la revue qu'ils ont fondée en 1987 et en mettant l'accent sur la cartographie linéaire du génome, le séquençage de l'ADN et la comparaison des génomes entre différentes espèces (McKusick, Ruddle, 1987).

Toutefois, les technologies «**omiques**» et les néologismes variés qui définissent les contextes dans lesquels elles sont appliquées représentent en réalité bien plus qu'un simple jeu de mots. En effet, ces technologies ont considérablement modifié l'échelle des données analysables et la forme des protocoles de recherche scientifique. Les

technologies «omiques» permettent de générer des quantités énormes de données à des niveaux biologiques multiples: du séquençage des gènes à l'expression des protéines et des structures métaboliques, ces données peuvent couvrir tous les mécanismes impliqués dans les variations qui se produisent dans les réseaux cellulaires et qui influencent le fonctionnement des systèmes organiques dans leur totalité (Nicholson, Lindon, 2008; Wilke et *al.*, 2008).

Cela a d'ailleurs récemment conduit à une surabondance de données dans le cadre des recherches biomédicales (Nicholson, 2006). Alors que les années 90 ont été nommées «la décennie du cerveau», nous sommes aujourd'hui dans «la décennie des mesures». Nous sommes entrés dans une ère différente marquée par une nouvelle approche des questions scientifiques, l'ère de la «grande biologie» (*NDT : en anglais, big biology*), de l'étude (intégrative) des systèmes, dans laquelle on s'applique à mesurer de manière globale les processus moléculaires impliqués dans la santé et la maladie (Baccini et *al.*, 2008; Naylor et *al.*, 2008; Nicholson et Lindon, 2008; Ozdemir et *al.*, 2009).

En plus d'augmenter le débit et le nombre des données, les technologies «omiques» ont fondamentalement modifié les procédures de recherche. Habituellement, les scientifiques se basent sur des hypothèses de recherche dans lesquelles une question/hypothèse est clairement articulée. Ils obtiennent ensuite des données qui viendront confirmer ou infirmer cette hypothèse.

Or, avec l'avènement des technologies «**omiques**», il n'est plus nécessaire de poser une question précise pour débiter une recherche. En effet, les scientifiques peuvent rassembler de nombreuses données génomiques ou protéomiques dans leurs études sans se baser sur une hypothèse initiale et attendre la production de ces données avant de formuler et de tester différentes hypothèses biologiques.

Cette inversion du modèle de recherche (de l'expérimentation traditionnelle basée sur des hypothèses précises à un modèle de recherche qui ne dépend pas de telles hypothèses) ouvre de manière inédite la porte à de nombreuses découvertes sur les mécanismes pathophysiologiques des maladies, ainsi que sur la compréhension des facteurs moléculaires qui influencent l'efficacité et la toxicité des médicaments ou encore la manière dont notre organisme répond et réagit aux médicaments et à l'alimentation.

Finalement, les modèles simplistes et réducteurs traditionnels utilisés en recherche n'offrent qu'une vision limitée de la nature complexe, longitudinale et dynamique des réseaux biologiques - et de leurs fluctuations en réponse à des facteurs sociaux et environnementaux - qui sont à l'œuvre dans la santé humaine et l'apparition de maladies. On peut penser que les sciences et les technologies «omiques» pourront considérablement améliorer ces modèles.

Références

Baccini, M., Bachmaier, E.M., Biggeri, A., Boekschoten, M.V., Bouwman, F.G., Brennan, L., et al. The NuGO proof of principle study package: a collaborative research effort of the European Nutrigenomics Organisation. *Genes Nutr.* 2008; 3: 147-51.

Lederberg, J., McCray, A.T. 'Ome sweet 'omics: -- A genealogical treasury of words. *The Scientist* 2001; 15(7): 8.

McKusick, V.A., Ruddle, F.H. Toward a complete map of the human genome. *Genomics* 1987; 1: 103-06.

Naylor, S., Culbertson, A.W., Valentine, S.J. Towards a systems level analysis of health and nutrition. *Curr Opin Biotechnol* 2008; 19(2): 100-09.

Nicholson, J.K. Reviewers peering from under a pile of 'omics' data. *Nature* 2006; 440(7087): 992.

Nicholson, J.K., Lindon, J.C. Systems biology: Metabonomics. *Nature* 2008; 455(7216): 1054-56.

Ozdemir, V., Suarez-Kurtz, G., Stenne, R., Somogyi, A., Someya, T., Kayaalp, S.O., Kolker, E. Risk assessment and communication tools for genotype associations with multifactorial phenotypes: The concept of 'edge effect' and cultivating an ethical bridge between omics innovations and society. *OMICS: Journal of Integrative Biology* 2009; 13(1) 43-62.

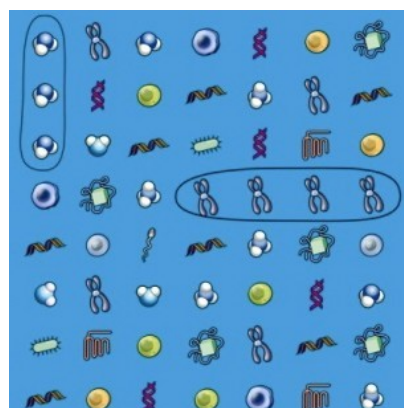
Wilke, R.A., Mareedu, R.K., Moore, J.H. The pathway less traveled: Moving from candidate genes to candidate pathways in the analysis of genome-wide data from large scale pharmacogenetic association studies. *Current Pharmacogenomics and Personalized Medicine* 2008; 6(3): 150-59.

Winkler, H. (1920) *Verbreitung und Ursache der Parthenogenesis im Pflanzen- und Tierreiche*. Verlag von Gustav Fischer: Jena.

Source : <http://www.omics-ethics.org/fr/definition-sciences-omiques>

*** La décennie des mots en omique** - [Agence Science-Presse](#), le 18 mars 2013, 8h22

(Agence Science-Presse) - Après le mot génome, il y a eu le mot protéome et si vous êtes passionné du cerveau, vous avez peut-être entendu le mot connectome. Mais vous ignoriez sûrement qu'il y avait plusieurs centaines de mots en «**ome**» et en «**omique**» de plus.



Cliquer sur la photo pour agrandir

«[Big Biology: The 'Omes Puzzle](#)», *Nature*, 27 février 2013.

Le variome? Le phénomène? «**Ome**» semble être le suffixe de la décennie... en science. Avec son compagnon «mique», comme dans **génome** et **génomique**. Un groupe de scientifiques au sein d'un centre britannique d'études sur la génomique a même lancé un «[générateur automatique de mots en -omique](#)». Et le microbiologiste californien Jonathan Eisen s'amuse à décerner régulièrement [un prix du suffixe en -omique le moins nécessaire du vocabulaire scientifique](#). Comme nutrimétabonome —qui n'est pas un mot qu'Eisen vient d'inventer, mais un terme vraiment utilisé dans une vraie recherche.

Ce n'est pas une création récente. Le suffixe grec **-ome** désigne, en gros, un ensemble ou un système. Mais c'est le décodage du génome humain, et son substantif, la génomique, qui a provoqué l'explosion: parce que si on explorait les gènes, on ne pouvait qu'explorer les protéines qui leur sont associées (protéomique) et si on pouvait décoder l'ensemble du génome, pourquoi pas les connexions de notre cerveau (connectome), et pourquoi pas les gènes des [microbes qui font partie de nous](#) (microbiome), et ainsi de suite.

Sauf que contrairement aux apparences, tous ces mots ne sont pas une inévitable conséquence de l'évolution de la langue. Il y a des raisons plus triviales, selon la linguiste Alexa McCray, [citée par Nature](#):

Grâce à ce suffixe, vous envoyez comme message que vous faites partie d'une branche nouvelle et excitante de la science.

Comment dégager le terme créé à seules fins d'améliorer ses chances de décrocher une subvention du terme qui a un réelle raison d'être ? *Nature* s'est donc livrée à l'exercice, en choisissant quelques termes prometteurs — et faisant grincer les dents de ceux qui étaient écorchés au passage.

- **Phénome.** La description (la carte?) des caractéristiques physiques d'une personne. À commencer par les anomalies (du visage, des membres, etc.) qui peuvent être associées à une maladie, ou à un problème psychologique. Des «projets phénomes» sont en cours [pour la souris](#), le poisson-zèbre et la plante *Arabidopsis thaliana*, ce rat de laboratoire du monde végétal.
- **Interactome.** Une des bases de la génétique, c'est que l'ARN est produit à partir de l'ADN et que l'ensemble produit des protéines... Mais en réalité, ces trois-là interagissent. L'interactome serait donc l'étude de ces interactions. Calcul rapide: seulement 20 000 protéines interagissant une à une génère 200 millions de possibilités.
- **Toxome.** Ou l'ensemble des processus qui, au niveau cellulaire, sont toxiques. Ici, un [projet toxome humain](#) est en cours. Après, on s'attaquera peut-être aux animaux et aux plantes.
- **Intégrome.** Ou la synthèse de tous les autres, ce qui promet bien du boulot.

Vous devez [vous identifier](#) ou [créer un compte](#) pour écrire des commentaires

Source : <http://www.sciencepresse.qc.ca/actualite/2013/03/18/decennie-mots-omique>

Auteur : **Jacques HALLARD**, Ingénieur CNAM, consultant indépendant - 08/11/2013

Site **ISIAS** = Introduire les Sciences et les Intégrer dans des Alternatives Sociétales

<http://isias.transition89.lautre.net>

Adresse : 585 Chemin du Malpas 13940 Mollégès France
Courriel : jacques.hallard921@orange.fr
Fichier : ISIAS Biologie Annonce d'une publication et articles complémentaires
Génomique environnementale - Les Cahiers Prospectives CNRS.2
