

LEXIQUE des termes de génétique et de biologie moléculaire
(par ordre alphabétique)

ADN : Acide désoxyribonucléique. L'ADN est une longue molécule en double hélice (deux brins complémentaires) qui contient l'information génétique de l'organisme. L'ADN est un polymère de nucléotides. Chaque nucléotide contient, entre autre, une base azotée. Ces bases sont au nombre de quatre: l'adénine (notée A), la thymine (T), la cytosine (C) et la guanine (G). Un « brin » d'ADN est formé d'une succession ordonnée des 4 nucléotides A, T, C, G. Les bases azotées étant complémentaires deux à deux (A-T et C-G), le second brin d'ADN est complémentaire du premier, les bases azotées complémentaires étant associées entre elles grâce à des liaisons hydrogène.

ADNc : ADN complémentaire, copie d'un ARN (en général l'ARNm) obtenue par transcription* inverse. L'ADNc se distingue de l'ADN génomique car il ne contient que les séquences d'ADN génomique qui ont été transcrites (voir transcription).

Adressage : Opération qui consiste à identifier parmi l'ensemble des fragments d'ADN génomique contenus dans une banque de BAC (voir ce mot), le ou les BAC contenant une séquence d'ADN homologue à celle à laquelle on s'intéresse (marqueur, EST,...). L'analyse de ces BAC permet d'accéder à l'information contenue dans le génome à proximité de la séquence d'intérêt.

ARN : Acide Ribonucléique

ARNm :ARN messenger, résultant d'une transcription de l'ADN et portant l'information pour la synthèse d'une ou plusieurs protéines après traduction.

BAC :*De l'anglais Bacterial Artificial Chromosome*

Clone bactérien contenant un grand fragment d'ADN exogène, d'une longueur de l'ordre de 100 à 200kb (100000 à 200000 bases). L'ADN exogène est l'ADN génomique de l'espèce d'intérêt, partiellement digéré par des enzymes de restriction. Une banque de BAC doit contenir un très grand nombre de BAC (plusieurs centaines de milliers) pour être informative. Des modélisations mathématiques ont en effet montré qu'il faut plusieurs équivalents-génome (entre 3 et 10) pour avoir une bonne probabilité de retrouver une séquence génomique unique dans une banque.

Bras chromosomique : Portion d'un chromosome, délimitée par le centromère (voir ce mot) et une extrémité du chromosome (télomère). Les chromosomes peuvent posséder un ou deux bras, selon la position du centromère.

Carte génétique : Représentation graphique de l'ordre des marqueurs/gènes sur un chromosome. Les distances sur une carte génétique sont exprimées en Centimorgan (voir ce mot), et sont déconnectées des distances physiques (nombre de paires de bases) sur le chromosome.

Carte physique : Une carte physique a pour objectif de localiser les locus (marqueurs, gènes,...) sur les chromosomes, en fournissant une indication de la distance physique en paires de bases (souvent abrégées en *pb*), entre les locus successifs.

Carte méiotique/ Carte de liaison : Voir carte génétique

Cartographie comparée : Etude comparée de l'organisation des génomes dans des espèces différentes, réalisée à partir de l'information fournie par les différentes cartes (génétiques, d'irradiation) et/ou des séquences complètes de génomes lorsqu'elles sont disponibles et visant à déterminer les régions chromosomiques homologues conservées dans différentes espèces. La cartographie comparée apporte des informations sur les mécanismes d'évolution des génomes. Dans certaines conditions, elle permet de transposer l'information génétique disponible dans une espèce à une autre espèce et de faciliter l'identification de gènes responsables de la variation observée dans une zone de QTL (voir ce terme).

Centimorgan (cM) : Unité de distance génétique entre gènes ou marqueurs, utilisée pour la construction des cartes génétiques. Un centimorgan correspond à un événement de recombinaison entre deux marqueurs pour 100 gamètes produits au cours de la méiose (1%).

Centromère : Région d'un chromosome où s'attachent les fibres du fuseau de division pendant la division cellulaire. Le centromère peut occuper différentes places sur un chromosome. Il peut être situé à l'extrémité du chromosome (chromosome acrocentrique, ne comportant qu'un seul bras chromosomique) ou occuper une position centrale (chromosome métacentrique, comportant deux bras chromosomiques).

Clonage/Clone : En biologie moléculaire, technique qui consiste à isoler et purifier un fragment d'ADN après l'avoir inséré et multiplié à l'identique dans une cellule hôte (souvent une bactérie). Le terme de '**clone**' fait alors référence à l'ensemble des cellules bactériennes dérivées par division mitotique de la seule cellule initiale ayant incorporé le fragment.

EST : de l'anglais Expressed Sequence Tag (étiquette de séquence exprimée) - Voir étiquette.

Étiquette : Fragment de séquence d'un gène (sous forme d'ADNc) permettant éventuellement de l'identifier par comparaison avec des séquences déjà connues.

Expression génique : Ensemble des mécanismes cellulaires permettant la synthèse des protéines à partir de l'information génétique. La première étape est la transcription, passage de l'information contenue dans l'ADN à la molécule d'ARNm, la seconde est la traduction, processus de décodage de la molécule d'ARNm permettant la synthèse de la protéine (ou des protéines) correspondant au gène.

Génome : Le génome est l'ensemble de l'information génétique caractéristique d'un individu ou d'une espèce. Les gènes ne constituent qu'une partie du génome.

Groupes de liaison : Ensemble de marqueurs qui co-ségrègent (apparaissent liés) à la méiose. Les groupes de liaison correspondent le plus souvent aux chromosomes de l'espèce et leur nombre est fixé pour une espèce, sauf dans le cas d'un polymorphisme robertsonien (variation du nombre de chromosomes entre individus d'une même espèce par phénomènes de fusion /fission au niveau des centromères des **chromosomes** acrocentriques, voir ce mot). Dans ce cas, le nombre de groupes de liaison observés dans une carte génétique pourra dépendre du caryotype (nombre de chromosomes) des parents de la famille utilisée pour établir celle-ci et donc varier d'une famille à l'autre. C'est le cas de la truite arc-en-ciel.

Hybrides d'irradiation : Hybride somatique obtenu par fusion entre des cellules receveuses (en général des cellules de rongeurs) et des cellules donneuses (celles de l'espèce d'intérêt), et dans lequel les cellules donneuses ont été irradiées avant la fusion. L'irradiation permet de fractionner le génome de l'espèce donneuse et de séparer les gènes en raison inverse de leur distance dans le génome; les hybrides d'irradiation permettent ainsi d'établir des cartes d'irradiation (dont l'unité est le centiray), complémentaires des cartes génétiques (les gènes proches ont une fréquence d'association élevée). Plusieurs hybrides d'irradiation sont nécessaires pour obtenir une représentation de l'ensemble du génome d'intérêt. Les **panels** d'hybrides d'irradiation contiennent en général une centaine d'hybrides.

Hybridation : En biologie moléculaire, réaction d'appariement entre différentes séquences d'acides nucléiques au moins partiellement complémentaires.

Méiose : Mode de division cellulaire qui se déroule lors de la gamétogénèse et qui aboutit à la réduction de moitié du nombre de chromosomes (passage du stade diploïde au stade haploïde dans les gamètes). La méiose comporte deux divisions (méiose I et II). C'est au cours de la méiose I que se produisent la recombinaison et l'échange de segments d'ADN entre bras d'une même paire de chromosomes.

Pour des schémas de la méiose, voir aussi <http://bio.m2osw.com/gcartable/reproduction/meiose.htm> et http://www.univ-tours.fr/genet/gen000100_fichiers/meiose.htm

Microsatellite : Séquence d'ADN contenant une répétition d'un motif de quelques paires de bases (par exemple (CA)_n ou (CAG)_n). Les microsatellites sont fréquents, et l'on admet qu'ils sont bien

répartis dans le génome. Le nombre de répétitions du motif étant souvent variable d'un individu à l'autre, les microsatellites sont une source de polymorphisme facilement utilisable en cartographie ou en assignation de parenté.

PCR : De l'anglais *Polymérase Chain Reaction*. Le terme français est l'ACP (*Amplification en chaîne par polymérase*)

Procédé d'amplification exponentielle *in vitro* d'une séquence définie d'ADN, permettant d'en disposer en quantité suffisante pour l'étudier.

Voir aussi pour le principe de la PCR :

<http://www.ens-lyon.fr/RELIE/PCR/principe/anim/presentation.htm>

Puce ADN : Une puce à ADN est un support miniaturisé (quelques centimètres carrés) en verre, silicone, ou nylon, sur lequel ont été déposés puis fixés de manière ordonnée des milliers de fragments d'ADN connus. Les puces sont utilisées pour repérer les gènes exprimés dans un tissu (foie, muscle, gonade,...). En effet, les ARNm extraits du tissu qui sont complémentaires de certaines des séquences d'ADN déposées sur la puce vont s'associer (s'**hybrider**, voir ce mot) avec celles-ci, avec une intensité qui dépend entre autre de leur abondance. Cette intensité est révélée grâce à un système de marquage adapté. La comparaison de membranes hybridées avec des échantillons d'ARNm marqués (sondes) issus des deux situations physiologiques différentes peut permettre de découvrir les gènes dont l'expression dans le tissu varie en fonction de la situation physiologique.

QTLs : De l'anglais *Quantitative Trait Loci*.

Zone chromosomique (contenant un ou plusieurs gènes) ayant un effet sur un caractère et identifiée par sa co-ségrégation avec un ou plusieurs marqueurs génétiques.

Séquençage : Opération qui consiste à déterminer l'ordre linéaire des nucléotides (A,T,C,G) sur une molécule d'ADN ou d'ADNc. La séquence est la succession ordonnée de ces bases.

SNP : De l'anglais *Single Nucleotide Polymorphism*.

Mutation ponctuelle induisant un polymorphisme qui, par définition, ne concerne qu'une unique paire de bases de la séquence d'ADN. Un SNP peut correspondre à une substitution (remplacement d'une base par une autre dans la séquence) ou à une délétion ou insertion (absence/addition d'une base sur l'un des brins d'ADN).

Synténie : Présence simultanée sur un même chromosome de deux ou plusieurs gènes ou marqueurs.

Transcription/Transcriptome

La **transcription** est le mécanisme qui permet de passer d'une séquence d'ADN à la séquence correspondante d'ARN messager (ARNm) simple brin. Le **transcriptome** est l'ensemble des ARNm présents dans un tissu à un moment donné. Il est représentatif de l'ensemble des gènes dont l'expression (voir ce mot) est activée au moment de l'observation, et dépend de la situation physiologique étudiée (âge de l'animal, à jeûn vs alimenté, sain vs infecté,...).

Références bibliographiques

Glossaire de génétique moléculaire et génie génétique (1991). Annie Chartier (coordinatrice), INRA Editions.

Génétique moléculaire (Octobre 2000). Productions Animales, numéro Hors série

Glossaire de cytogénétique (<http://cvirtuel.cochin.univ-paris5.fr/cytogen/GLOSSAIR.htm>)