



**ENSC-(n° d'ordre)**

**THESE DE DOCTORAT  
DE L'ECOLE NORMALE SUPERIEURE DE CACHAN**

Présentée par

Magali FUCHS-GALLEZOT

**pour obtenir le grade de  
DOCTEUR DE L'ECOLE NORMALE SUPERIEURE DE CACHAN**

Domaine :  
SCIENCES DE L'EDUCATION

**Génomique, post-génomique : enjeux de formation  
et prise en charge curriculaire pour les SVT**

**ANNEXES**

Thèse présentée et soutenue à Cachan le 10 décembre 2009 devant le jury composé de :

Madame Virginie Albe, Professeure à l'ENS Cachan	Examinatrice
Monsieur François Audigier, Professeur à l'Université de Genève	Rapporteur
Madame Maryline Coquidé, Professeure à l'INRP	Directrice de thèse
Monsieur Jean-Louis Martinand, Professeur émérite à l'ENS Cachan	Examinateur
Monsieur Michel Morange, Professeur à l'Université Paris VI et à l'ENS Paris	Rapporteur
Monsieur Dominique Rojat, Inspecteur Général de l'Education Nationale	Examinateur

Unité Mixte de Recherche Sciences Techniques Education Formation  
ENS CACHAN  
61, avenue du Président Wilson, 94235 CACHAN CEDEX (France)



# **ANNEXES**



**1- SOMMAIRE DES ANNEXES**

1- Sommaire des annexes..... p.1

2- Table des annexes..... p.2

2.1- Table des documents..... p.2

2.2- Table des figures..... p.3

2.3- Table des tableaux..... p.4

3- Annexes de la partie I..... p.9

4- Annexes de la partie II..... p.19

5- Annexes de la partie III..... p.63

6- Annexes de la partie IV..... p.161

## 2- TABLE DES ANNEXES

### 2.1- TABLE DES DOCUMENTS

#### ANNEXES de la partie I

<b>Document 1</b> : Exemple de groupes disciplinaires impliqués dans l'élaboration des programmes pour l'enseignement portant sur le vivant.....	p.11
<b>Document 2</b> : Analyse de la charte des programmes.....	p.12
<b>Document 3</b> : Trois types de pilotage.....	p.16
<b>Document 4</b> : Limites de la notion de transposition didactique et la transposition didactique généralisée. Eléments justifiant sa non pertinence pour notre questionnement.....	p.16

#### ANNEXES de la partie II

<b>Document 5</b> : Les objectifs disciplinaires des SVT au collège avancés dans les textes officiels : les visées et finalités des SVT au collège.....	p.23
<b>Document 6</b> : Les visées et finalités des sciences au lycée avancées dans les textes officiels (voir <b>tableau 12</b> ci-dessous).....	p.27
<b>Document 7</b> : Les visées et finalités des SVT au lycée avancées dans les textes officiels (voir les <b>tableaux 13 et 14</b> ci-dessous).....	p.28
<b>Document 8</b> : Les démarches d'enseignement en 3 <sup>ème</sup> ( <b>tableau 17</b> + commentaires).....	p.34
<b>Document 9</b> : Les démarches d'enseignement au lycée pour les sciences ( <b>tableau 18</b> ) et pour les SVT ( <b>tableau 19</b> ).....	p.36
<b>Document 10</b> : Synthèse proposant une caractérisation des deux visions en tension dans les pratiques de recherche scientifique en génétique, voire en biologie : <b>la vision informationnelle</b> (ou du tout génétique) et <b>la nouvelle vision</b> (vision moins génocentrée, plus systémique).....	p.38

#### ANNEXES de la partie III

<b>Documents 11</b> : exemples de recherches menées en génomique ou en post-génomique : finalités, objets d'étude, organisation de la recherche.....	p.76
--	------

#### ANNEXES de la partie IV

<b>Document 12</b> : corpus d'analyse du I de la partie IV.....	p.166
<b>Document 13</b> : Codage du corpus d'analyse de la partie IV.....	p.205
<b>Document 14</b> : Caractéristiques prises comme références par les contenus et visées des SVT « en directives ».....	p.230
<b>Document 15</b> : Prise en charge de la notion de « modification du patrimoine génétique » par les programmes de 3 <sup>ème</sup> .....	p.269
<b>Document 16</b> : Prise en charge des unités d'analyse se référant à des pratiques de recherche s'inscrivant dans la nouvelle vision (thème A, classe de 3 <sup>ème</sup> ).....	p.276
<b>Document 17</b> : Prise en charge de la notion de « transgénèse » par le programme de la classe de 2 <sup>nde</sup> .....	p.280
<b>Document 18</b> : Prise en charge d'énoncés des documents d'accompagnement de 2 <sup>nde</sup> se référant à des pratiques s'inscrivant dans la nouvelle vision (thème II, partie 3).....	p.287

<b>Document 19</b> : Examen des finalités, visées, tâches et références explicitées pour les thèmes au choix de la classe de 2nde. Des références seront le cas échéant proposées.....	p.290
<b>Document 20</b> : Prise en charge de la notion de « transgénèse » dans le thème : « Une ressource naturelle : le bois » de la classe de 1 <sup>ère</sup> ES.....	p.291
<b>Document 21</b> : Prise en charge de la notion de « transgénèse » dans le thème « Du génotype au phénotype, applications biotechnologiques » de 1 <sup>ère</sup> ES.....	p.296
<b>Document 22</b> : Prise en charge des unités d'analyse du programme de 1 <sup>ère</sup> ES se référant à des pratiques de recherche s'inscrivant dans la nouvelle vision.....	p.301
<b>Document 23</b> : Prise en charge des unités d'analyses se référant à des pratiques de recherche s'inscrivant dans la nouvelle vision du thème « Représentation visuelle » de la classe de 1 <sup>ère</sup> L.....	p.304
<b>Document 24</b> : Visées des différents thèmes présentées dans l'introduction des sciences de la vie de la classe de 1 <sup>ère</sup> S.....	p.310
<b>Document 25</b> : Proposition d'articulation entre Tâche, visée/ savoir, références : apport des documents d'accompagnement : TS- spécialité thème II.....	p.317

## 2.2- TABLE DES FIGURES

### ANNEXES de la partie I

<b>Figure 1</b> : Schéma de la transposition didactique généralisée (d'après Develay, 1992).....	p.18
--	------

### ANNEXES de la partie III

<b>Figure 2</b> : différentes représentations schématiques des relations entre génotype et phénotype dans le cadre de la vision du « tout génétique ».....	p.41
--	------

### ANNEXES de la partie IV

<b>Figure 3</b> : Proposition d'un réseau notionnel à partir des énoncés du programme de la sous-partie de la partie 2 (1 <sup>ère</sup> S/génotype-phénotype).....	p.303
---	-------

## 2.3- TABLE DES TABLEAUX

### ANNEXES de la partie I

<b>Tableau 1</b> : Liste des programmes d'enseignement disciplinaire portant sur le vivant publié au bulletin officiel et appliqués de la 6 <sup>ème</sup> à la Terminale des rentrées 1996 à 2002.....	p.10
<b>Tableau 2</b> : Groupe d'experts sur les programmes de sciences de la vie et de la Terre (Enseignement scientifique en 1 <sup>ère</sup> L et 1 <sup>ère</sup> ES).....	p.11
<b>Tableau 3</b> : Groupe d'experts sur les programmes de Sciences de la vie et de la Terre (Enseignement de sciences de la vie et de la Terre en 1 <sup>ère</sup> S et TS).....	p.11
<b>Tableau 4</b> : <b>Eléments devant figurer dans les programmes</b> : les objectifs, les connaissances et les compétences.....	p.13
<b>Tableau 5</b> : Principes de construction des programmes explicités dans la charte des programmes .....	p.14

<b>Tableau 6</b> : Tableau récapitulatif des différentes dénominations des enseignements portant sur le vivant (seconde moitié du XXème siècle) et assurés par un même corps professoral.....	p.15
<b>Tableau 7</b> : Type de curriculum en fonction des apprentissages privilégiés (D'après Ross, 2000).....	p.16

## **ANNEXES de la partie II**

<b>Tableau 8</b> : Repérage dans les programmes d'enseignement (textes officiels) publiés au bulletin officiel (BO) pour les SVT entre 1995 et 2002 des éléments qui les composent.....	p.20
<b>Tableau 9</b> : Distinction des notions de « connaissance » et de « savoir » (D'après Jonnaert, 2006).....	p.22
<b>Tableau 10</b> : Visées et finalités de l'enseignement des SVT au collège.....	p.25
<b>Tableau 11</b> : Visées et finalités de l'enseignement des SVT en troisième (analyse des programmes).....	p.26
<b>Tableau 12</b> : Visées de l'enseignement des sciences au lycée (BO HS n°2 du 10 juillet 2007).....	p.28
<b>Tableau 13</b> : Les visées et les finalités des SVT en seconde (2 <sup>nde</sup> ), première S (1 <sup>ère</sup> S) et terminale S (TS).....	p.29
<b>Tableau 14</b> : Les visées et les finalités des SVT en première ES (1 <sup>ère</sup> ES) et L (1 <sup>ère</sup> L).....	p.30
<b>Tableau 15</b> : Proposition de différentes finalités pour l'enseignement des sciences et leurs caractérisations.....	p.31
<b>Tableau 16</b> : Caractérisation de deux types de citoyenneté pour l'histoire géographique d'après Tutiaux-Guillon (2006).....	p.33
<b>Tableau 17</b> : Caractérisation des différentes méthodes d'enseignement (au collège (3 <sup>ème</sup> ) et pour les différents niveaux du lycée (proposition du chercheur d'après le programme (énoncés dont la codification débute par V ou A) et les documents d'accompagnement (énoncés dont la codification débute par DA).....	p.34
<b>Tableau 18</b> : Caractérisation des différentes méthodes d'enseignement en sciences au lycée (BO HS n°2 du 10-7-2001).....	p.36
<b>Tableau 19</b> : Caractérisation des différentes méthodes d'enseignement en SVT en seconde et en TS (programmes et <i>documents d'accompagnement</i> .....	p.37
<b>Tableau 20</b> : Explicitation des types de besoins en biologie théorique (d'après des notes personnelles d'une présentation de Morange en 2006).....	p.57
<b>Tableau 21</b> : Recensement des raisons pour lesquels la vision des gènes oscille entre fascination et peur (d'après Morange, 1998).....	p.61

## **ANNEXES de la partie III**

<b>Tableau 22</b> : Proposition d'un tableau récapitulant les finalités ou problématiques des différentes pratiques de recherche scientifique en génétique.....	p.64
<b>Tableau 23</b> : Exemples de caractérisation de pratiques attribuées à des pratiques de recherche scientifique en génomique ou en post-génomique (cytomique, physiomique) en fonction de différents auteurs.....	p.65
<b>Tableau 24</b> : Nombre de citations (de leur première citation jusqu'en 2001) de différents objets de la génomique et de la post-génomique dans « Google » et dans « Pub Med » (archives numérique du National Institutes of Health (NIH) (Etats-Unis) des revues biomédicales et de sciences de la vie) ( <u>tableau élaboré d'après Herrmann Carl, 2006</u> ).....	p.72

<b>Tableau 25</b> : Principales techniques (ressources matérielles) employées pour les approches structurales et fonctionnelles.....	p.73
<b>Tableau 26</b> : Exemples de résultats des pratiques de recherche en génomique.....	p.83
<b>Tableau 27</b> : Exemple de travaux antérieurs à la post-génomique et ayant contribué à faire émerger la nouvelle vision.....	p.85
<b>Tableau 28</b> : Caractérisation des pratiques de recherche scientifique (recherche fondamentale) en génomique.....	p.98
<b>Tableaux 29</b> : Caractérisation partielle des pratiques de recherche scientifique (recherche fondamentale) mobilisant comme ressource intellectuelle ou matérielle des résultats des pratiques de recherche en génomique.....	p.102
<b>Tableau 30</b> : Caractérisation des pratiques de recherche scientifique (recherche fondamentale) en post-génomique.....	p.105
<b>Tableau 31</b> : Caractérisation de pratiques mobilisant des ressources des pratiques de recherche en génomique : pratiques de recherche en génétique des populations	p.109
<b>Tableau 32</b> : Caractérisation de pratiques mobilisant des ressources des pratiques de recherche en génomique : pratiques de recherche en évolution.....	p.112
<b>Tableau 33</b> : Caractérisation des pratiques de recherche scientifique (recherche fondamentale) médicale en génomique et en post-génomique.....	p.115
<b>Tableau 34</b> : Caractérisation des pratiques de médicales .....	p.118
<b>Tableau 35</b> : Eléments pour un panorama des pratiques mobilisant comme ressource des résultats, des techniques, des méthodes des pratiques de recherche en génomique et en post-génomique.....	p.120
<b>Tableau 36</b> : Caractérisation partielle des pratiques en production industrielle et agricole (recherche et développement et production).....	p.141
<b>Tableau 37</b> : Exemple de caractérisation de pratiques judiciaires (s'appuyant sur les tests génétiques).....	p.143
<b>Tableau 38</b> : Caractérisation des différentes périodes du point de vue des relations sciences et société. (D'après Bonneuil, 2004).....	p.144
<b>Tableau 39</b> : Caractérisation des pratiques citoyennes .....	p.146
<b>Tableau 40</b> : Recensement de quelques arguments employés dans le débat des brevets sur le génome.....	p.147
<b>Tableaux 41</b> : Caractérisation de pratiques contribuant à mieux appréhender les pratiques sociales relevant de la génomique et de la post-génomique : pratiques de biologie moléculaire (41.a) et de génie génétique (41.b) « classique ».....	p.149
<b>Tableaux 42</b> : Caractérisation de pratiques contribuant à mieux appréhender les pratiques sociales relevant de la génomique et de la post-génomique : pratiques de recherche s'inscrivant dans la nouvelle vision : pratiques articulant biologie moléculaire et physiologie (42.a) et pratiques articulant biologie moléculaire et embryologie (42.b).....	p.157
<b>ANNEXES de la partie IV</b>	
<b>Tableau 43</b> : Vision synoptique des différentes parties du programme de SVT de collège (6 <sup>ème</sup> à la 3 <sup>ème</sup> ).....	p.162
<b>Tableau 44</b> : Vision synoptique des différentes parties du programme de SVT de 2 <sup>nde</sup> à TS .....	p.163
<b>Tableau 45</b> : Corpus d'analyse et justification (mots soulignés) du codage des unités d'analyse pour la classe de troisième.....	p.166
<b>Tableau 46</b> : Corpus d'analyse et justification du codage des unités d'analyse pour la classe de seconde.....	p.172

<b>Tableau 47</b> : Corpus d'analyse et justification (mots soulignés) du codage des unités d'analyse pour la classe de première ES.....	p.174
<b>Tableau 48</b> : Corpus d'analyse et justification (mots soulignés) du codage des unités d'analyse pour la classe de première L.....	p.180
<b>Tableau 49</b> : Corpus d'analyse et justification (mots soulignés) du codage des unités d'analyse pour la classe de première S.....	p.186
<b>Tableau 50</b> : Corpus d'analyse et justification (mots des unités d'analyse en gras) du codage des unités d'analyse pour la classe de terminale S.....	p.194
<b>Tableaux 51</b> : Codage du corpus d'analyse de la classe de troisième.....	p.205
<b>Tableaux 52</b> : Codage du corpus d'analyse de la classe de seconde.....	p.209
<b>Tableaux 53</b> : Codage du corpus d'analyse de la classe de première ES.....	p.212
<b>Tableaux 54</b> : Codage du corpus d'analyse de la classe de première L.....	p.216
<b>Tableaux 55</b> : Codage du corpus d'analyse de la classe de première S.....	p.220
<b>Tableaux 56</b> : Codage du corpus d'analyse de la classe de terminale S.....	p.224
<b>Tableau 57</b> : Proposition de caractéristiques comme référence pour les unités d'analyse de la classe de troisième.....	p.231
<b>Tableau 58</b> : Proposition de caractéristiques comme référence pour les unités d'analyse de la classe de seconde.....	p.232
<b>Tableau 59</b> : Proposition de caractéristiques comme référence pour les unités d'analyse de la classe de première ES.....	p.234
<b>Tableau 60</b> : Proposition de caractéristiques comme référence pour les unités d'analyse de la classe de première L.....	p.238
<b>Tableau 61</b> : Proposition de caractéristiques comme référence pour les unités d'analyse de la classe de première S.....	p.242
<b>Tableau 62</b> : Proposition de caractéristiques comme référence pour les unités d'analyse de la classe de terminale S.....	p.250
<b>Tableau 63</b> : Corpus d'analyse du II de la partie IV : unités d'analyse incluant la notion de transgénèse.....	p.256
<b>Tableau 64</b> : Corpus d'analyse du II de la partie IV : unités d'analyse se référant à des pratiques s'inscrivant dans la nouvelle vision.....	p.259
<b>Tableau 65</b> : Eléments pour une proposition de représentation graphique d'un réseau notionnel de l'unité d'analyse incluant la notion de « modification du patrimoine génétique » (3 <sup>ème</sup> thème E).....	p.269
<b>Tableau 66.a</b> : Organisation du thème E de la classe de 3 <sup>ème</sup> .....	p.270
<b>Tableau 66.b</b> : Des visées du thème à la compétence du thème E de la classe de 3 <sup>ème</sup> .....	p.271
<b>Tableau 66.c</b> : Les tâches : des démarches d'enseignement du thème aux tâches du thème E de la classe de 3 <sup>ème</sup> .....	p.272
<b>Tableau 67.a</b> : Eléments pour une proposition de représentation graphique d'un réseau notionnel pour les unités d'analyse s'inscrivant dans la nouvelle vision (partie 1, thème A, classe de 3 <sup>ème</sup> ).....	p.276
<b>Tableau 67.b</b> : Organisation du thème A de la classe de 3 <sup>ème</sup> .....	p.277
<b>Tableau 67.c</b> : Les visées du thème A de la classe de 3 <sup>ème</sup> .....	p.278
<b>Tableau 68.a</b> : Eléments pour une proposition de représentation graphique d'un réseau notionnel incluant la notion de transgénèse (thème II, partie 2, classe de 2 <sup>nde</sup> ).....	p.280
<b>Tableau 68.b</b> : Organisation du thème II de la classe de 2 <sup>nde</sup> .....	p.281
<b>Tableau 68.c</b> : Les visées : des visées du thème II de la classe de 2 <sup>nde</sup> .....	p.281
<b>Tableau 68.d</b> : Proposition d'organigramme des visées du programme articulées aux différentes parties du thème II de la classe de 2 <sup>nde</sup> .....	p.282

<b>Tableau 68.e</b> : Les documents d'accompagnement du de la partie 2 du thème II de la classe de 2 <sup>nde</sup> .....	p.283
<b>Tableau 68.f</b> : Proposition d'organigramme des visées formulées par le programme et par les documents d'accompagnement (2 <sup>nde</sup> ).....	p.285
<b>Tableau 69</b> : Examen des contenus de la partie 3 du thème II du programme et des énoncés des <i>documents d'accompagnement</i> qui leur sont associés (classe de 2 <sup>nde</sup> ). .....	p.287
<b>Tableau 70</b> : Finalités et visées des thèmes au choix (2 <sup>nde</sup> ).....	p.290
<b>Tableau 71.a</b> : Organisation du thème de 1 <sup>ère</sup> ES (le bois : une ressource naturelle).....	p.292
<b>Tableau 71.b</b> : Eléments pour une proposition de réseau notionnelle pour la partie 2.2 (1 <sup>ère</sup> ES/ thème bois).....	p.293
<b>Tableau 71.c</b> : Les visées du thème « une ressource naturelle : le bois » et de la partie dans laquelle l'unité d'analyse relative à la transgénèse est insérée .....	p.294
<b>Tableau 72.a</b> : Eléments pour une proposition de représentation graphique d'un réseau notionnel (1 <sup>ère</sup> ES/ thème génotype-phénotype/ partie 1).....	p.296
<b>Tableau 72.b</b> : Organisation du thème de 1 <sup>ère</sup> ES.....	p.297
<b>Tableau 72.c</b> : Visées, références explicitées ou proposées dans le programme pour le thème obligatoire « du génotype au phénotype, applications biotechnologiques » 1ES-TO-2 .....	p.298
<b>Tableau 72.d</b> : Apport des documents d'accompagnement pour les visées.....	p.299
<b>Tableau 73</b> : Eléments pour une proposition de représentation graphique d'un réseau notionnel (1 <sup>ère</sup> ES/ génotype-phénotype/ partie 2).....	p.301
<b>Tableau 74.a</b> : éléments pour proposer un réseau notionnel des notions des unités d'analyses se référant à des pratiques de recherche s'inscrivant dans la nouvelle vision (1 <sup>ère</sup> L/ représentation visuelle).....	p.304
<b>Tableau 74.b</b> : Visées, éléments sur les tâches du thème « représentation visuelle du monde », 1 <sup>ère</sup> L.....	p.305
<b>Tableau 74.c</b> : Proposition de tableau articulant les visées du niveau, les visées des types de thème (1 <sup>ère</sup> L, représentation visuelle).....	p.309
<b>Tableau 75</b> : visées des différents thèmes présentées dans l'introduction des sciences de la vie de la classe de 1 <sup>ère</sup> S.....	p.310
<b>Tableau 76.a</b> : Visées du thème « Procréation » en relation avec la partie dans laquelle les unités d'analyse sont inscrites (TS- enseignement obligatoire).....	p.312
<b>Tableau 76.b</b> : Visées du thème « Immunologie » (TS- enseignement obligatoire) .....	p.313
<b>Tableau 77.a</b> : Enoncés se rapportant aux unités d'analyse de savoir se référant à des pratiques de transgénèse (TS- enseignement de spécialité).....	p.313
<b>Tableau 77.b</b> : cohérence thématique (TS- spécialité, thème II).....	p.315
<b>Tableau 78</b> : caractérisation de deux types de citoyenneté d'après Tutiaux-Guillon (2006).....	p.319



# **ANNEXES PARTIE I**

**Tableau 1 :** Liste des programmes d'enseignement disciplinaire portant sur le vivant publié au bulletin officiel et appliqués de la 6<sup>ème</sup> à la Terminale des rentrées 1996 à 2002

<b>Programmes de sciences de la vie et de la Terre</b>	<b>Publication au bulletin officiel</b>	<b>Mis en application à partir de la rentrée</b>
Classe de sixième (6 <sup>e</sup> )	BO n°48 du 28 décembre 1995	1996
Classes du cycle central (cinquième (5 <sup>e</sup> ) et quatrième (4 <sup>e</sup> ))	BO hors-série n°1 du 13 février 1997	1997 pour les 5 <sup>e</sup> 1998 pour les 4 <sup>e</sup>
Classe de troisième (3 <sup>e</sup> )	BO hors-série n°10 du 15 octobre 1998	1999
Classe de seconde (2 <sup>nd</sup> e)	BO hors-série n°6 du 12 août 1999 BO hors-série n°2 du 30 août 2001	2000
Classe de première série scientifique (1 <sup>ère</sup> S)	BO hors-série n°7 du 31 août 2000 BO hors-série n°6 du 29 août 2002	2001
Classe de Terminale série scientifique (TS)	BO hors-série n°5 du 30 août 2001 Modifications de programme BO hors-série n°11 du 28 novembre 2002	2002

<b>Programmes d'enseignement scientifique</b>	<b>Publication au bulletin officiel</b>	<b>Mis en application à partir de la rentrée</b>
Classe de première série économique et sociale (1 <sup>ère</sup> ES)	BO hors-série n°7 du 31 août 2000	2000
Classe de première série littéraire (1 <sup>ère</sup> L)	BO hors-série n°7 du 31 août 2000	2000

**Document 1** : Exemple de groupes disciplinaires impliqués dans l'élaboration des programmes pour l'enseignement portant sur le vivant

**Tableau 2** : Groupe d'experts sur les programmes de sciences de la vie et de la Terre (Enseignement scientifique en 1<sup>ère</sup> L et 1<sup>ère</sup> ES)

<b>Président</b> Bernard CALVINO	Professeur des universités, ESPCI, Paris.
<b>Membres</b> Jean-Claude BOUCAUT Jean-Paul DUBACQ Gérard VIDAL Anne PLESSIS Roger PRAT Marc TARDY  Philippe GILLET	Professeur des universités, Paris VI Maître de conférences, ENS, Paris. Maître de conférences, ENS, Lyon Maître de conférences, Paris VII Professeur des universités, Paris VI Professeur des universités, université de Savoie, Le Bourget-du Lac Professeur des universités, ENS, Lyon
Rosine BOYADJIAN Raymond CIRIO Bernard MOGENET Colette PORTHA-PONCEBLANC Béatrice SALVIAT Marie-Claude YON-COTTON	Professeur, lycée Victor-Hugo, Paris Professeur, lycée climatique d'altitude, Briançon Professeur, lycée Fresnel, Caen Professeur, lycée Paul-Valéry, Paris Professeur, lycée Louis-le-Grand, Paris Professeur, lycée François-1 <sup>er</sup> , Vitry-le-François
Bernard GISSOT Jean-Claude HERVE Dominique ROJAT	IA-IPR, académie de Créteil IA-IPR honoraire Inspecteur général de l'Education nationale

**Tableau 3** : Groupe d'experts sur les programmes de Sciences de la vie et de la Terre (Enseignement de sciences de la vie et de la Terre en 1<sup>ère</sup> S et TS)

<b>Président</b> Bernard CALVINO	Professeur des universités, ESPCI, Paris.
<b>Membres</b> Jean-Paul DUBACQ Philippe GILLET Roger PRAT Marc TARDY  Gérard VIDAL	Maître de conférences, ENS, Paris. Professeur des universités, ENS, Lyon Professeur des universités, Paris VI Professeur des universités, université de Savoie, Le Bourget-du Lac Maître de conférences, ENS, Lyon
Rosine BOYADJIAN Raymond CIRIO Colette PORTHA-PONCEBLANC Béatrice SALVIAT Marie-Claude YON-COTTON	Professeur, lycée Victor-Hugo, Paris Professeur, lycée climatique d'altitude, Briançon Professeur, lycée Paul-Valéry, Paris Professeur, lycée Louis-le-Grand, Paris Professeur, lycée François-1 <sup>er</sup> , Vitry-le-François
Bernard GISSOT Jean-Claude HERVE Dominique ROJAT	IA-IPR, académie de Créteil IA-IPR honoraire Inspecteur général de l'Education nationale

**Document 2** : Analyse de la charte des programmes

(Charte des programmes du 13 novembre 1991 (BO n°8 du 20 février 1992))

**Objectifs de la charte**

La charte des programmes définit « *les procédures et le cadre d'élaboration de tous les programmes relevant du ministère de l'Education nationale* ».

Elle explicite :

- les visées des apprentissages scolaires : « *permettre aux jeunes de construire leur vie personnelle, leur vie professionnelle et d'être des citoyens responsables* » ;
- les dimensions à prendre en compte dans la refonte des programmes pour les atteindre :
  - o actualisation des contenus ;
  - o réflexion sur les finalités de la formation des élèves ;
  - o critères de sélection des savoirs disciplinaires ;
  - o articulations entre objectifs de connaissances et objectifs de socialisation.

**La charte vise à cadrer la rédaction des programmes de l'ensemble du système éducatif** : elle « *répond au souci d'introduire les cohérences nécessaires à la réalisation des finalités du système éducatif, telles qu'elles sont définies dans la loi d'orientation : mener 100% d'une classe d'âge à une qualification et, pour cela, centre les démarches du système éducatif sur l'élève.* »<sup>1</sup>

**Définition et fonction des programmes d'enseignement**

**Le programme est défini comme le texte réglementaire officiel publié au bulletin officiel.**

**Un programme d'enseignement a pour fonction :**

- de constituer un **outil qui traduit en termes de contenus disciplinaires les objectifs généraux** ;
- d'offrir « *un cadre de référence nationale* » qui s'impose à tous (enseignants, élèves et futurs employeurs), clair, précis, cohérent et opérationnel, ancrant les savoirs

---

<sup>1</sup> Charte du 13 novembre 1991. BO n°8 du 20 février 1992.

nouveaux dans le patrimoine culturel refusant les effets de mode. » (cadre garant d'une démocratisation de l'enseignement).

Il sert de référence nationale pour fonder « *dans chaque discipline, à chaque niveau, le « contrat d'enseignement », c'est-à-dire le cadre à l'intérieur duquel l'enseignant ou l'équipe pédagogique font les choix pédagogiques adaptés aux élèves dont ils ont la responsabilité. Il a par ailleurs pour fonction d'établir une clarification entre les différents niveaux du système éducatif et de définir les compétences que les élèves doivent acquérir.* »

**Tableau 4 :** Eléments devant figurer dans les programmes : les objectifs, les connaissances et les compétences

<b>objectifs</b>	<b>Pour les cycles du primaire, du collège et les voies et filières du lycée, des objectifs</b> qui font l'objet de décisions prises au niveau ministériel ou législatif sont rappelés et précisés dans un <b>texte de cadrage</b> spécifique placé en introduction des programmes disciplinaires du cycle, de la voie de formation ou de la filière concernée.
	<b>Pour chaque discipline</b> , le programme définit des <b>objectifs généraux</b> spécifiques en termes de connaissances et méthodes, en souligne la cohérence, <b>les module</b> en fonction du niveau et explicite les articulations avec les finalités du système éducatif.
<b>Connaissances compétences</b>	<b>Les contenus disciplinaires</b> sont énoncés en termes de <b>connaissances</b> et de <b>compétences</b> à acquérir.
	<b>Les connaissances</b> englobent : notions, concepts, savoir-faire propre à la discipline.
	<b>Les compétences</b> correspondent aux tâches que les élèves doivent être capables d'accomplir en fin d'année, de cycle ou de formation. Le programme détermine le niveau de compétence visé en donnant une liste des tâches.
	Liens entre les contenus et les modalités retenues pour un examen. Introduction des technologies modernes.

**Tableau 5 :** Principes de construction des programmes explicités dans la charte des programmes

**Le programme d'une discipline doit prendre en compte :**

<p><b>L'inscription de la discipline scolaire dans un champ disciplinaire plus vaste (couverture partielle ou totale du champ disciplinaire par la discipline scolaire)</b></p>	<p><b>Question de référence</b></p>
<p>Concilier :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- le rythme du développement de l'enfant avec la cohérence propre à la discipline ;</li> <li>- une progression disciplinaire cohérente tout au long du cursus avec la nécessité de reprendre certaines notions selon des approches différentes ;</li> <li>- la cohérence verticale d'une discipline avec la cohérence interdisciplinaire à un niveau ou à un cycle donné.</li> </ul>	<p><b>Question de progression, cohérence disciplinaire, cohérence verticale et interdisciplinaire</b></p>
<p>Le programme</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- ne doit pas être un empilement, être incompatible par son ampleur avec la capacité d'assimilation des élèves ;</li> <li>- doit faire la <b>liste des compétences visées et des savoirs et savoirs faire impliqués ;</b></li> <li>- doit favoriser les situations d'apprentissage qui permettent de développer les attitudes fondamentales qui donnent sens aux démarches intellectuelles et sociales (esprit critique, goût pour l'argumentation, honnêteté intellectuelle, curiosité, écoute de l'autre).</li> </ul>	<p><b>Question des critères de sélection des contenus du programme</b></p>
<ul style="list-style-type: none"> <li>-doit avoir un niveau de formulation adapté, les termes spécifiques doivent être définis ;</li> <li>- doit clarifier les usages et les définitions des termes techniques entre les différentes disciplines.</li> </ul>	<p><b>Question de registre de formulation des savoirs</b></p>
<ul style="list-style-type: none"> <li>- doit préciser les parties à traiter en coordination entre plusieurs disciplines.</li> </ul>	<p><b>Question de cohérence entre disciplines</b></p>

### Les documents d'accompagnement :

Ont été élaborés à l'adresse d'une part des enseignants et d'autre part des parents.

« [...] *Document spécifique au programme disciplinaire d'un niveau donné, dans un cycle, une voie de formation ou une filière donnée* », il apporte des éclaircissements nécessaires, permet à l'enseignant de **s'appropriier le programme** (l'explicite) et **de le mettre en œuvre** (précise ce qu'il faut enseigner, précise le cadre dans lequel des choix sont à faire, ouvre des perspectives, donne des justifications, met en évidence la relation entre le programme, les démarches pédagogiques, les activités, etc...).

Ils proposent par ailleurs des activités de synthèse, de recherche, d'approfondissement, des pistes interdisciplinaires, etc...

**Tableau 6** : Tableau récapitulatif des différentes dénominations des enseignements portant sur le vivant (seconde moitié du XXème siècle) et assurés par un même corps professoral

<b>Période indicative de mise en application des enseignements portant ces différentes dénominations</b>	<b>Dénomination des enseignements portant sur le vivant</b>
1942-1986	<b>Sciences naturelles</b>
1986-1992	<b>Sciences et techniques biologiques et géologiques</b> (collège, 2 <sup>nde</sup> ) <b>Biologie humaine</b> (1 <sup>ère</sup> A) <b>Sciences-santé-économie</b> (1 <sup>ère</sup> B) <b>Biologie-Géologie</b> (1 <sup>ère</sup> S, Terminales A, B, D) <b>Biologie</b> (Terminale C)
1992-1996	<b>Sciences et techniques biologiques et géologiques</b> (collège) <b>Sciences de la vie et de la Terre</b> (2 <sup>nde</sup> , 1 <sup>ère</sup> S, Terminale S)
1996	<b>Sciences de la vie et de la Terre</b> (collège, 2 <sup>nde</sup> , 1 <sup>ère</sup> S et TS) <b>Enseignement scientifique</b> (1 <sup>ère</sup> L et 1 <sup>ère</sup> ES)

**Document 3** : Trois types de pilotage

Ainsi dans un cadre curriculaire, à partir d'une analyse critique des curriculums anglo-saxons, Ross (2000) propose trois types de curriculum disciplinaire en fonction du type d'apprentissage qu'il privilégie.

**Tableau 7** : Type de curriculum en fonction des apprentissages privilégiés (D'après Ross, 2000)

Type de curriculum	caractérisation
content-centred	privilégie les apprentissages de savoirs disciplinaires <u>pilotage par les contenus disciplinaires</u>
competency centred	privilégie des enseignements centrés sur des activités valorisant des compétences et des expériences <u>pilotage par les objectifs de compétence</u>
student-centred	<u>pilotage par un guidage du développement personnel</u>

**Document 4** : Limites de la notion de transposition didactique et la transposition didactique généralisée. Eléments justifiant sa non pertinence pour notre questionnement.

Pour Develay (1992) la notion de transposition didactique introduite par Yves Chevallard en mathématiques nécessite quant à la relation qu'elle établit entre savoir savant et savoir scolaire d'être discutée en fonction des champs disciplinaires. Il argumente en s'appuyant sur l'analyse des disciplines scolaires centrées sur l'histoire et la biologie la nécessité d'élargir cette notion.

Develay (1995) propose deux extensions et un complément à la définition de Chevallard

**(Figure 1)** :

- **une extension en amont** : les savoirs de référence ne sont pas toujours des savoirs savants mais peuvent également être des **pratiques sociales de référence** diverses c'est-à-dire des activités sociales diverses et non pas seulement les activités scientifiques. Pour Michel Develay, les liens entre savoir à enseigner, savoir savant et pratiques sociales de référence sont réciproques (Develay, 1992) ;
- **Une extension en aval**, car pour Develay, les transformations subies par les savoirs de référence ne s'arrêtent pas au savoir à enseigner mais se poursuivent dans les savoirs enseignés et finalement assimilés par l'élève (mémorisation, application réinvestissement ou transfert).

Enfin pour Develay, le travail de transposition didactique s'effectue sur deux registres : le didactique et l'axiologique alors que Chevallard se limitait à l'aspect didactique.

- **un travail de didactisation** « [...] *qui vise à rendre opérationnelles des situations d'apprentissage par des choix opérés dans la logique des contenus, dans les matériels proposés, dans les tâches à effectuer, dans les consignes données, dans les critères d'évaluation* » (Develay, 1995, p.26) ;
- **un travail d'axiologisation** « [...] *qui choisit des contenus recelant certaines valeurs en jeu dans les rapports de l'élève au savoir, des élèves entre eux, des élèves à l'enseignement, ses savoirs au projet de la société...* » (Develay, 1995, p.26) .

La prise en compte lors de l'analyse des références puis du savoir à enseigner (programmes, manuels scolaires) **des systèmes de valeurs, ou idéologie**, explicites ou implicites au domaine de référence est également proposée par Pierre Clément (2004). Il se démarque toutefois de Michel Develay en plaçant les valeurs dans les références, alors que ce dernier place les valeurs du côté du travail de transposition didactique.

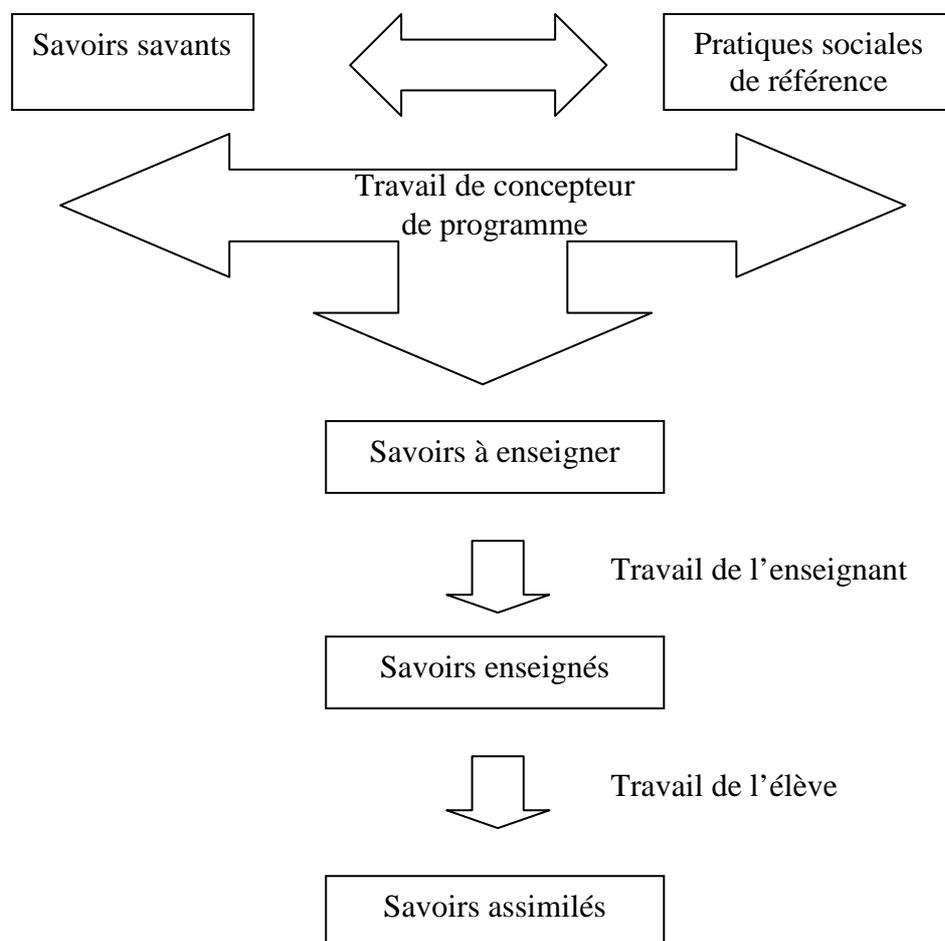
### **Discussion concernant le positionnement des pratiques sociales de référence par rapport aux savoirs et par rapport aux différentes pratiques**

En conséquence, la proposition de Develay (1992) de garder dans une problématique de transposition didactique les savoirs savants pris comme tels en proposant d'y adjoindre les pratiques sociales de référence revient à centrer le questionnement sur les transformations du

savoir tout en prenant en compte les contextes pratiques de son usage et n'apparaît comme pertinente à Martinand (2001, 2003b, 2003c).

Pour la construction du curriculum le point de vue **de savoir situé ou contextualisé** reste réducteur. Or dans la notion de pratique de référence, il ne s'agit pas de contextualiser des savoirs mais de prendre des pratiques dans tous leurs aspects (composantes de savoirs discursifs ou non, explicites ou implicites, individuels ou collectifs).

**Figure 1** : Schéma de la transposition didactique généralisée (d'après Develay, 1992)



## **ANNEXES PARTIE II**

**Tableau 8 :** Repérage dans les programmes d'enseignement (textes officiels) publiés au bulletin officiel (BO) pour les SVT entre 1995 et 2002 des éléments qui les composent

Programmes d'enseignement (textes officiels parus au bulletin officiel, BO)									
Eléments composant le programme	collège				Lycée				
	6 <sup>ème</sup>	5 <sup>ème</sup>	4 <sup>ème</sup>	3 <sup>ème</sup>	2 <sup>nde</sup>	1 <sup>e</sup> S	TS	1 <sup>e</sup> L	1 <sup>e</sup> ES
visées									
Objectifs disciplinaires du cycle (collège, lycée)	Introduction aux SVT au collège (BO n°48 du 28 décembre 1995)				Texte sur l'enseignement des sciences au lycée (BO HS n°2 du 30 août 2001)				
Objectifs disciplinaires du niveau d'enseignement	x	x	x	x	x	x	x	x	x
Objectifs du thème	x	x	x	x	x	x	x	x	x
Contenus									
Liste de notions- contenus (sous forme de phrases)	x	x	x	x	x	x	x	x	x
Explicitation systématique des limites des notions et contenus					x	x	x	x	x
Liste de compétences	x	x	x	x					
Liste d'activités/ de travaux pratiques	x	x	x	x	x	x	x	x	x

Programmes d'enseignement (textes officiels parus au BO)									
Éléments composant le programme	collège				Lycée				
	6 <sup>ème</sup>	5 <sup>ème</sup>	4 <sup>ème</sup>	3 <sup>ème</sup>	2 <sup>nde</sup>	1 <sup>e</sup> S	TS	1 <sup>e</sup> L	1 <sup>e</sup> ES
Principes de construction du programme									
Découpage par thèmes	x	x	x	x	x	x	x	x	x
Informations concernant la cohérence horizontale	x	x	x	x	x	x			
Informations concernant la cohérence avec d'autres disciplines	x	x	x	x	x			x	x
Informations concernant la cohérence verticale au sein de la discipline	x	x	x	x	x	x	x	x	x
Explicitation des différentes rubriques du programme	x			x					
Démarche d'enseignement, d'apprentissage ; évaluation ; organisation scolaire de l'enseignement									
Démarche pédagogique, tâches, supports (généraux)	x	x	x	x	x			X S	xS
évaluation				x		x		x	x
Organisation scolaire de l'enseignement (autre que durée de chaque partie)					x			x	x

**Tableau 9 :** Distinction des notions de « connaissance » et de « savoir » (D'après Jonnaert, 2006)

connaissances	savoirs
<p>-sont <b>construites</b> à travers nos expériences et non transmises ;</p> <p>-sont <b>uniques</b> et non universelles, même si collectivement, nous avons tous des connaissances à propos d'une même réalité ;</p> <p>-sont <b>dynamiques</b> et non figées ;</p> <p>-côtoient d'autres connaissances, <b>différentes</b> d'elles, à propos d'une même réalité, et ne sont pas partagées par tous ;</p> <p>-ne constituent pas <b>une copie conforme</b> de cette réalité ;</p> <p>-Sont elles-mêmes un <b>processus</b>, car elles permettent, à travers leur adaptation, la construction de nouvelles connaissances, et ne sont pas un « état » ;</p> <p>-sont <b>contextuelles</b> ;</p> <p>-sont <b>viabiles</b> tant et aussi longtemps qu'elles ne sont pas contredites par le contexte dans lequel elles sont utilisées ;</p> <p>-sont caractérisées par des propriétés qui relèvent de la <b>cognition</b>.</p>	<p>-sont <b>reconnus et admis</b> par une communauté de savoirs (les viticulteurs, les mathématiciens, les maîtres brasseurs) ;</p> <p>-relèvent du <b>patrimoine culturel</b> de cette communauté ;</p> <p>-sont <b>codifiés</b> dans des documents écrits (code écrit) ou selon un langage (code oral ou autres), admis par cette communauté ;</p> <p>-sont caractérisés par des <b>propriétés sémantiques et syntaxiques</b> (de l'écrit ou de l'oral) et non par des propriétés de la cognition.</p>

**Document 5** : Les objectifs disciplinaires des SVT au collège avancés dans les textes officiels : les visées et finalités des SVT au collège

Nous utiliserons le terme de visée pour désigner ce que la discipline doit faire acquérir et de finalité pour désigner les perspectives de ces visées.

Les textes officiels définissant les programmes de SVT explicitent en introduction les objectifs visés par la discipline au collège<sup>1</sup>.

Est d'abord visé l'acquisition par l'élève de méthodes « *nécessaires à la poursuite de ses études et utiles dans sa vie d'adulte ou pour de citoyen notamment en ce qui concerne l'esprit expérimental* » (CNDP, 1996, p.14) (annexe ou figure).

Les trois finalités énoncés : poursuite des études, utiles à la vie d'adulte et de citoyen peuvent être interprétées comme faisant écho aux finalités générales de l'éducation rappelées par la charte des programmes : « *permettre aux jeunes de construire leur vie personnelle, leur vie professionnelle et d'être des citoyens responsables* »<sup>2</sup>

Quatre savoir-faire ont été retenus : s'informer, raisonner (notamment faire preuve d'esprit critique), réaliser des manipulations et communiquer dans un domaine scientifique.

Sont ensuite visés, dans la limite permise par les méthodes mises en œuvre et les notions acquises, d'une part la capacité à rendre compte (expliquer, comprendre, identifier, décrire, appréhender) de phénomènes biologiques et géologiques (objectifs de savoir) et la capacité à choisir, fonder des comportements responsables ou conformes aux connaissances dans les domaines de la santé, l'environnement et les relations humaines et enfin l'acquisition d'une attitude ouverte et critique vis-à-vis des médias (objectifs de savoir être).

Trois types de visées sont donc avancés : des visées de savoir-faire (acquisition de méthode), de savoir (acquisition de notions) et de savoir être (acquérir des attitudes).

Les visées de méthode sont présentées comme ayant trois types de finalités :

- professionnelle (nécessaires à la poursuite des études) ;

---

<sup>1</sup> Ministère de l'éducation nationale, de l'enseignement supérieur et de la recherche. Direction des lycées et collèges.

Le BO Hors série. Programmes de 6ème. 1996. Collection collège.

Saint Germain du Puy : CNDP n° du BO ????

<sup>2</sup> Charte du 13 novembre 1991. BO n°8 du 20 février 1992.

- personnelle (utiles à la vie d'adulte) ;

- citoyenne (utiles à la vie du citoyen).

Concernant les visées de savoir être, elles sont explicitées en termes d'attitude à acquérir (exemple ici par rapport aux médias).

Les visées de savoir et de savoir faire sont présentées comme ayant pour finalité de fonder des comportements responsables ou conformes aux connaissances (exemple ici dans les domaines de la santé, l'environnement et les relations humaines).

Dans ce texte, les comportements responsables sont à fonder ou à choisir en raison/rationnellement, c'est-à-dire en s'appuyant sur les notions et méthodes disciplinaires acquises.

Cette finalité peut être interprétée comme s'inscrivant dans la visée d'éducation explicitée par Sachot (cité par Coquidé 2008) pour l'espace politique français (Partie I, p.) : « *Former un citoyen libre et responsable : c'est l'être lui-même qui doit être instruit. Son éducation est centrée sur le développement de l'esprit critique et de la raison* »

Nous parlerons de finalité citoyenne rationnelle.

**Tableau 10** : Visées et finalités de l'enseignement des SVT au collège

<p>Visées de savoir faire acquisition « des <u>méthodes nécessaires à la poursuite des études</u> et <u>utiles dans sa vie d'adulte et de citoyen</u></p>	<p>Dans la <u>limites permise par méthodes et notion</u> acquise attend capable :</p>	
<p>notamment en ce qui concerne <b>l'esprit expérimental</b> :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- appris à <b>s'informer</b>, notamment observer</li> <li>- <b>à raisonner</b>, notamment classer, relier, à adopter une démarche expérimentale, faire preuve d'esprit critique</li> <li>- <b>à réaliser des manipulations</b>, des montages expérimentaux, des mesures, des élevages, des cultures</li> <li>- <b>à communiquer</b> dans un domaine scientifique oralement ou par écrit, mais aussi par le dessin et le schéma</li> </ul>	<p><b>Finalité</b> <b>Rendre compte de phénomènes biologiques ou géologiques</b></p>	<p><b>Finalité</b> <b>Choisir, fonder un comportement</b> <b>Adopter une attitude</b></p>
	<p>d'expliquer les <b>manifestations les plus courantes du fonctionnement de l'organisme humain</b>,</p>	<p><u>choisir les comportements</u>, les attitudes d'hygiène et de prévention <u>en accord avec les connaissances acquises</u> <u>utiliser la compréhension des principes</u> simples de transmission du patrimoine héréditaire et de la place de l'homme dans la nature pour <u>fonder un comportement social ouvert et responsable</u> (respect vie, homme, femme dans leur diversité)</p>
	<p>identifier composantes biologiques et géologiques essentielles de <b>l'environnement</b>, proche ou lointain, comprendre quelques unes de leurs relations ;</p>	<p><u>fonder sur cette connaissance</u> reliée à celles venant d'autres disciplines, un <u>comportement responsable vis-à-vis de l'environnement</u> (préservation des espèces, gestion des milieux et des ressources, prévention des risques) ;</p>
	<p>décrire les grandes étapes de <b>l'histoire de la Terre et de la Vie</b> et y situer l'Homme ;</p>	
	<p>appréhender au delà de sa diversité, <b>l'unité et l'organisation du monde vivant</b>, de la biosphère à la cellule ;</p>	
	<p><u>adopter une attitude ouverte et critique</u> vis à vis des images et des informations sur le monde naturel et sur les sciences, apportées par les médias</p>	

**Tableau 11** : Visées et finalités de l'enseignement des SVT en troisième (analyse des programmes)

**V-3.a**

L'enseignement de 3<sup>ème</sup>

-« doit à la fois achever de donner une **vision cohérente et signifiante** des Sciences de la vie et de la Terre aux élèves auxquels cette discipline ne sera plus enseignée

⇒ finalité disciplinaire

-et procurer aux autres des **bases sur lesquelles puisse s'appuyer formation qu'ils poursuivront au lycée dans ce domaine.** » p.115

⇒ finalité scolaire

**V-3.b**

on attend « [...] une maîtrise suffisante à la fois :

- **de connaissances** élémentaires assurant un premier niveau de **compréhension du monde vivant et de la Terre**, et des informations diffusées par les média à leur sujet,
- **des méthodes permettant d'utiliser ces connaissances**, les unes et les autres nécessaires à tous pour leur vie d'adultes et de citoyens. » p.115

⇒ visée de savoir, savoir faire

⇒ finalités développement personnel

⇒ finalités citoyennes

**V-3.c**

contenus enseignés sont toujours l'occasion :

- de contribuer au développement des capacités d'expression écrite orale et graphique
- de prolonger les apports de la discipline à la préparation et à l'éducation aux choix d'orientation

⇒ finalités « professionnelles »

inscrit dans logique d'ensemble du collège

répond également à une volonté de cohérence interne.

**Cohérence interne**

**V-3.f**

« Il est centré sur l'Homme, à la fois dans son fonctionnement comme organisme et dans divers aspects de ses interaction avec son milieu et son environnement : [...] »

**V-3.g**

**la partie A prévoit une présentation simple du déterminisme génétique, interférant avec l'influence des conditions de vie** ; la partie B envisage les moyens grâce auxquels cet organisme se préserve des risques liés à certains éléments de l'environnement ; la partie C concerne les conditions dans lesquelles l'organisme se procure et exploite, pour son fonctionnement et celui de ses cellules, les apports divers du milieu, et y rejette les produit de ce fonctionnement ; la partie D constitue une première approche de la façon dont l'individu

prend conscience de ce qui l'entoure ; enfin, la partie E, conçue comme un couronnement de la discipline au collège, invite à une réflexion, à partir des connaissances et des méthodes acquises, sur la responsabilité individuelle et sociale de l'Homme. »

**V-3.h**

« Ainsi, de la 6<sup>e</sup> à la 3<sup>e</sup>, l'enseignement des sciences de la vie et de la Terre contribue de manière importante à l'éducation du citoyen, en matière d'environnement mais aussi de santé. » p.115

- ⇒ [visées de savoir](#)
- ⇒ [visée de savoir-être citoyen](#)

**Document 6** : Les visées et finalités des sciences au lycée avancées dans les textes officiels (voir **tableau 12** ci-dessous)

Le BO HS n°2 du 10 juillet 2007 explicite l'objectif de l'enseignement des sciences au lycée : faire aimer la science aux élèves. Cet objectif général est ensuite décliné en trois finalités :

- pour les inciter à s'orienter vers des filières scientifiques et à choisir plus tard des métiers liés aux sciences et à la technologie (finalités « pour poursuivre des études » + s'orienter vers un métier lié aux sciences et à la technologie) ;
- pour amener les autres à continuer à s'intéresser aux sciences (ne pas en avoir peur) : à lire des revues scientifiques sans appréhension (finalité « pour la vie d'adulte »)
- à participer à des choix citoyens sur des problèmes où la science est impliquée (finalité « pour la vie de citoyen »)

Les visées disciplinaires qui permettent d'atteindre ces finalités sont de leur faire comprendre et/ou acquérir :

- la démarche intellectuelle, (visée de savoir faire) ;
- l'évolution des idées et (visée de savoir sur les sciences) ;
- un corpus de connaissance de base (visée de savoir « scientifique »).

Il s'agit de viser l'acquisition d'une culture scientifique élémentaire (Finalité culturelle).

**Tableau 12** : Visées de l'enseignement des sciences au lycée (BO HS n°2 du 10 juillet 2007)

<p><b>finalités</b></p> <p>Visée de savoir faire Visée de savoir</p>	<p>« L'enseignement des sciences au lycée est d'abord conçu pour <b>faire aimer la science aux élèves</b>, en leur faisant comprendre la démarche intellectuelle, l'évolution des idées, la construction progressive du corpus de connaissances scientifiques. »</p>
<p><b>Finalités culturelle</b></p>	<p>« <b>L'aspect culturel</b> doit donc être privilégié. Naturellement, il est impossible d'apprécier une discipline, sans avoir un certain nombre de connaissances de base. » « L'enseignement conduira donc à <b>faire acquérir à l'élève une culture scientifique élémentaire.</b> »</p>
<p><b>Finalité « pour la poursuite des études »</b></p>	<p><b>Incitation vers filières à dominantes scientifique</b> et choix plus tard de métiers liés aux sciences et aux technologies</p>
<p><b>Finalité « pour la vie d'adulte et de citoyen »</b></p>	<p>Pour les autres devra les amener à <b>continuer à s'intéresser aux sciences</b>, »[...] à ne <b>pas en avoir peur</b>, à pouvoir <b>aborder ultérieurement la lecture des revues scientifiques</b> de vulgarisation sans appréhension, enfin, à <b>participer à des choix citoyens sur des problèmes où la science</b> est impliquée.</p>

**Document 7** : Les visées et finalités des SVT au lycée avancées dans les textes officiels (voir les **tableaux 13 et 14** p.29 et p.30 des annexes de la Partie II)

Les visées des SVT au lycée général sont définies dans les introductions des textes des programmes de 2nde, 1<sup>ère</sup> ES, L, S et TS (tableaux 13 et 14, des visées et finalités générales des SVT au lycée).

Pour la seconde : se retrouvent les finalités associées à la poursuite des études, à une orientation vers des filières scientifiques et des finalités citoyennes.

Les visées sont des visées de connaissance d'acquisition d'éléments de culture.

En 1<sup>ère</sup> S se trouvent des visées de savoir et de savoir-faire et des finalités d'orientation professionnelle et citoyennes.

En TS se trouvent uniquement des visées de savoir.

**Tableau 13:** Les visées et les finalités des SVT en seconde (2<sup>nde</sup>), première S (1<sup>ère</sup> S) et terminale S (TS)

niveaux	Visées et finalités en SVT
2 <sup>nde</sup> générale	<p>apporter les éléments de connaissance et plus largement de culture permettant de saisir les enjeux éthiques et sociaux auxquels est confronté le citoyen de notre temps ;</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>⇒ <a href="#">visée de connaissance, culture (savoir)</a></li> <li>⇒ <a href="#">finalités citoyennes</a></li> <li>⇒ <a href="#">Finalités éthiques</a></li> </ul> <p>« Il a aussi pour objectif d’asseoir <b>les bases scientifiques</b> nécessaires à la poursuite des cursus d’enseignement général.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>⇒ <a href="#">visées de savoir</a></li> <li>⇒ <a href="#">finalité « poursuite des études » : scolaire</a></li> </ul> <p>Les notions et contenus de l’enseignement, les démarches mises en œuvre et la pratique des technologies de l’information et de la communication (TIC) contribuent à motiver un choix positif vers la filière scientifique »</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>⇒ <a href="#">finalité « orientation vers une filière scientifique » : professionnelle</a></li> </ul>
1 <sup>ère</sup> S	<p>acquérir des connaissances fondamentales du champ disciplinaire, en mettant accent sur le raisonnement scientifique, les démarches expérimentales et la mise en œuvre des techniques</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>⇒ <a href="#">visées de savoir, savoir-faire</a></li> </ul> <p>participer au développement de l’esprit critique requis pour appréhender les enjeux éthiques et sociaux associés au progrès scientifiques et aux nouvelles technologies (par l’acquisition de ces connaissances associées à la pratique expérimentale)</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>⇒ <a href="#">visées de savoir faire</a></li> <li>⇒ <a href="#">finalités « citoyennes »</a></li> </ul> <p>contribution à l’orientation positive vers des carrières scientifiques (car pg fondé sur des notions acquises dans d’autres disciplines)</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>⇒ <a href="#">finalité « orientation vers des carrières scientifiques »</a></li> </ul>
TS	<p>fournir un modèle dynamique de la Terre : pour être complet ce modèle prend en compte l’évolution au cours du temps du système global terrestre : enveloppes fluides (2<sup>nde</sup>), enveloppes solides (1<sup>ère</sup> S) et êtres</p>

	vivants
	prise en compte dimension temporelle permet de résoudre contradiction apparente de la géosphère et de la biosphère : stabilité et variabilité  ⇒ <a href="#">visées de savoir</a>

**Tableau 14:** Les visées et les finalités des SVT en première ES (1<sup>ère</sup> ES) et L (1<sup>ère</sup> L)

niveau	Objectifs de l'enseignement scientifique
1 <sup>ère</sup> ES	d'apporter des connaissances et une démarche, celle des raisonnements scientifiques, au travers de thèmes qui touchent à la responsabilité individuelle et collective face aux grands problèmes actuels de société  ⇒ <a href="#">visées de savoir, savoir faire</a>
	d'aborder différents sujets de santé humaine ou ayant trait à l'environnement et comportant des retombées en termes pratiques et socio-économiques, ainsi qu'en termes d'éthique personnelle et collective.  ⇒ <a href="#">finalités citoyennes</a> ⇒ <a href="#">finalités éthiques</a> ⇒ <a href="#">finalités d'ouverture sur des sujets scientifiques importants</a>
1 <sup>ère</sup> L	fournir des clefs d'ordre terminologique pour se repérer dans les enjeux de société à venir impliquant les sciences  ⇒ <a href="#">visées de savoir</a> ⇒ <a href="#">finalités citoyennes</a>
	donner l'envie d'aller plus loin dans la compréhension de ces sujets par des lectures personnelles  ⇒ <a href="#">=&gt; finalités de formation personnelle</a>
	apporter les bases d'une réflexion plus philosophique ainsi que des éléments sur la place et la responsabilité de l'homme et de ses activités dans le monde par le choix des thèmes  ⇒ <a href="#">=&gt; finalités d'ouverture</a>

**Tableau 15** : Proposition de différentes finalités pour l’enseignement des sciences et leurs caractérisations

Finalité	Caractérisation		
	Coquidé & Vander Borgh (1998)	Rosmorduc (2000)	Lewis & Wood-Robins (2000)
<b>Utilitaire/ utilitariste</b>	est un enseignement qui se donne des priorités en termes d’objectifs d’apprentissage en fonction du type d’enseignement	Utilitariste : l’objectif de l’enseignement des sciences est d’inculquer un savoir additionné d’un savoir faire	utilitariste des connaissances scientifiques sont nécessaires pour la vie de tous les jours
<b>démocratique</b>	-se manifeste par la mise en lien de la culture scientifique et de la citoyenneté -s’exprime à travers des objectifs tels : construire la rationalité du futur citoyen, exercer son esprit critique, développer des comportements tels l’autonomie, éduquer à la responsabilité -se manifeste également par la recherche de mettre en évidence la scientificité des savoirs scolaires, que leur enseignement ne les ramène pas à une croyance		participation à la prise de décision démocratique à propos des sciences requiert une compréhension de la science

<b>éthique</b>	en rapport aux problèmes éthiques et aux préoccupations sociales liées aux contenus enseignés		
<b>culturelle</b>		<p><b>Des savoirs scientifiques</b></p> <p>par l'acquisition de savoir mais aussi de capacité à prendre du recul par rapport à ces savoirs. Ainsi pour lui « Pas de culture scientifique et technique donc sans histoire des sciences et des techniques, et sans épistémologie. »</p>	<p><b>Culturelle et sociale</b></p> <p>la science est une des réussites majeures de la culture et devrait être étudiée dans le cadre d'une éducation générale</p>

**Tableau 16** : Caractérisation de deux types de citoyenneté pour l’histoire géographique d’après Tutiaux-Guillon (2006)

<p><b>Citoyenneté exclusive</b></p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- citoyenneté française pensée comme un dépassement des particularismes et des appartenances à des groupes réels : le citoyen est abstrait, la citoyenneté est donc une et unitaire</li> <li>- la citoyenneté n’englobe pas la vie sociale : les valeurs et identités autres que celles qui définissent l’intérêt général (laïcité)</li> <li>- pour se dépouiller de ses identités vécues et vives, le citoyen doit être éclairé, instruit et conduit à faire usage de la Raison</li> </ul> <p>La culture scolaire est une culture libératrice au fondement politique : la culture française est posée comme ce qui libère de l’enfermement dans des identités singulières, limitées. L’école qui transmet cette culture est ainsi libératrice</p>
<p><b>Une citoyenneté adhésion</b></p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- modèle britannique de citoyenneté qui pose les identités et les appartenances comme l’expression des libertés et le fondement légitime des débats publics</li> <li>- en Europe se développe une conception de la citoyenneté fondée sur les compétences plus que sur les identités : la démocratie y est pensée comme un mode pacifique de résolution des conflits qui naissent de la pluralité, un système politique qui fait du désaccord son mode de fonctionnement =&gt;la capacité à assumer son point de vue, à l’argumenter, à participer au débat public devient le cœur des compétences citoyennes</li> <li>- éloignement de la citoyenneté adhésion/ obéissance</li> </ul>
<p>Changer de citoyenneté reviendrait à passer d’un enseignement fondé sur la vérité et l’autorité à un enseignement fondé davantage sur le débat et la négociation de sens.</p>	

**Document 8** : Les démarches d'enseignement en 3<sup>ème</sup> (**tableau 17** + commentaires)

**Tableau 17** : Caractérisation des différentes méthodes d'enseignement (au collège (3<sup>ème</sup>) et pour les différents niveaux du lycée (proposition du chercheur d'après les programmes (énoncés dont la codification débute par V ou A) et les documents d'accompagnement (énoncés dont la codification débute par DA)

Extraits de programmes ou de documents d'accompagnement	Proposition	Proposition de référence
<p>V-3 accent sur la <u>formation au raisonnement scientifique</u>, à la <u>méthode expérimentale</u>, recours aux objets, aux manipulations, aux expérimentations qui permettent d'exercer la méthode expérimentale » dans le cadre des problèmes scientifiques qui fondent les sujets et orientent les démarches (A-3)</p>	<p><b>Tâche</b> : méthode expérimentale Raisonnement scientifique</p>	
<p><b>DA-A-3.a</b> « Pour atteindre ces objectifs, le professeur met en jeu des <u>démarches explicatives, fondées sur la résolution de problèmes scientifiques</u>. Ils sont formulés sous la direction du professeur, en tenant compte des acquis, à partir de faits d'observation, de données d'actualité, par exemple relatives à la santé et à l'environnement. » « individuellement, en groupes ou collectivement, les élèves participent à la résolution des problèmes par le biais d'activités diverses utilisant des supports variés propices à l'observation, à la réflexion, aux manipulations et aux expérimentations.</p>	<p><b>Tâche</b> : Démarche explicative (résolution de problèmes scientifiques)  <b>Objets</b> : faits d'observation, données d'actualités (relatives à la santé et à l'environnement) pour formuler le problème Supports variés adaptés aux tâches de résolution  <b>Tâche</b> : participer à la résolution des problèmes par observation, réflexion, manipulation et expérimentation (activité pratique)</p>	<p>Référence à des pratiques scientifiques de recherche  Pratiques citoyennes</p>
<p><b>DA-A-3.c</b> Par ailleurs, l'enseignement des sciences de la vie et de la Terre fait appel à l'expérimentation assistée par ordinateur (ExAO), à l'utilisation de Cédéroms, de banques de données, de banques d'images, de vidéogramme. Tous ces outils sont utilisés pour établir des faits ou rechercher les éléments d'une explication</p>	<p><b>Outils</b> : Exao, Cédéroms, banques de données, d'images, de vidéogrammes <b>DA-A-3.c</b>  <b>Tâche</b> : établir des faits, rechercher les éléments d'une explication</p>	<p>Références scolaires d'inspiration scientifique</p>

## **Commentaires :**

### **Tâches**

Concernant les activités, les documents d'accompagnement centrent leur discours sur la démarche explicative et non la méthode expérimentale comme dans les programmes.

L'expérience est ici une tâche qui peut être mise en œuvre dans le cadre de la démarche explicative.

Des étapes de la démarche explicative sont explicitées :

- formulation d'un problème scientifique par le professeur (DA-A-3.a) ;
- participation des élèves à la résolution des problèmes scientifiques par observation, réflexion, manipulation et expérimentation (activité pratique) (DA-A-3.a).

Les outils servent dans ce cadre à établir des faits, rechercher les éléments d'une explication (DA-A-3.c).

Ces démarches, tâches se réfèrent à des démarches, ou tâches élémentaires de pratiques de recherches scientifiques.

Exemples :

Tâche : Démarche explicative (résolution de problèmes scientifiques) DA-A-3.a

Tâche : participer à la résolution des problèmes scientifique par observation, réflexion, manipulation et expérimentation (activité pratique) DA-A-3.a

Tâche : établir des faits, rechercher les éléments d'une explication DA-A-3.c

### **Objets**

Sont également précisés des exemples d'objets permettant d'aider à formuler un problème scientifique : faits d'observation, données d'actualités (relatives à la santé et à l'environnement).

Ces objets se réfèrent soit à des objets issus de pratiques de recherche scientifique soit à des pratiques citoyennes (exemple : Objets : faits d'observation, données d'actualités (relatives à la santé et à l'environnement)).

Supports variés adaptés aux tâches DA-A-3.a

## Outils

Les outils suggérés pour établir des faits ou rechercher des éléments d'une explication se réfèrent à des outils souvent spécifiques du milieu scolaire (Outils : Exao, Cédéroms, banques de données, d'images, de vidéogrammes (DA-A-3.c)) mais qui se réfèrent ou ont été élaborés en référence ou à partir d'éléments issus de pratiques scientifiques

**Document 9** : Les démarches d'enseignement au lycée pour les sciences (**tableau 18**) et pour les SVT (**tableau 19**)

**Tableau 18** : Caractérisation des différentes méthodes d'enseignement en sciences au lycée (BO HS n°2 du 10-7-2001)

Caractérisation de la démarche d'enseignement au lycée	
Tâ-L-sc-4 BO HS n°2 du 10-7-2001	<b>Démarche scientifique comme démarche d'enseignement modélisant la pratique scientifique</b> <b>Comme invariant des sciences</b>  « La science n'est pas faite de certitudes, elle est faite de questionnements et de réponses qui évoluent et se modifient avec le temps. Tout ceci montre qu'il faut privilégier avant <b>tout l'enseignement de la démarche scientifique incluant l'apprentissage de l'observation et de l'expérience.</b> » p.2 web
Tâ-L-sc-5 BO HS n°2 du 10-7-2001	<b>Faire se poser des questions aux élèves</b> « Enfin, et ce n'est pas la moindre difficulté de l'enseignement scientifique, il faut pousser l'élève à se poser des questions et éviter de donner des réponses avant qu'il ait formulé les questions. L'élève bien sûr ne va pas poser à lui seul les « bonnes questions »-il ne faut pas être naïf- maison peut petit à petit amener la classe dans son ensemble si ce n'est à toujours énoncer les questions pertinentes tout au moins à comprendre le mécanisme du questionnement. » p.3 WEB

**Tableau 19** : Caractérisation des différentes méthodes d'enseignement en SVT en seconde et en TS (programmes et *documents d'accompagnement*)

<p><b>Démarche d'enseignement A-2.a</b></p>	<p><b>Démarche d'enseignement :</b>          « Les cours et les travaux pratiques s'inscrivent dans une démarche explicative et critique qui comprend des observations, des expérimentations, des analyses de documents et des synthèses. Ils jouent un rôle essentiel dans le questionnement de l'élève. Ils soutiennent l'effort individuel et favorisent l'appropriation par l'élève de son savoir. » p.1</p>
<p><b>CP-introduction p.5</b>  <b>DA-A-TS</b>  <b>Démarche pédagogique</b></p>	<p><b>DA-A-TS</b>  <i>« Le travail qualitatif passe, aussi souvent que possible, par la mise en œuvre d'une <b>démarche réflexive</b>, dans laquelle l'élève n'est pas le simple spectateur- ou consommateur- de sa formation, mais un véritable acteur. Il participe à la construction de son savoir en même temps qu'à la formation de son esprit en s'impliquant aussi bien dans l'énoncé de la question que dans la recherche de la réponse. En continuité directe avec les évolutions de la didactique de la discipline des dernières années, l'élève est ainsi mis dans une situation de recherche (fondement de la démarche « par problème ») dont le but n'est pas de mimer la véritable recherche scientifique, ni de prétendre faire redémontrer en quelques minutes ce que plusieurs générations de chercheurs ont peiné à découvrir, mais simplement de faire comprendre ce qu'est cette démarche scientifique, faite de doute et d'imagination, d'habileté intellectuelle et manuelle, qui permet à la science de se construire par l'incessante confrontation des faits et des idées. »</i></p>

**Document 10** : Synthèse proposant une caractérisation des deux visions en tension dans les pratiques de recherche scientifique en génétique, voire en biologie : **la vision informationnelle** (ou du tout génétique) et **la nouvelle vision** (vision moins génocentrée, plus systémique)

## 1) Caractérisation de la vision informationnelle ou du « tout génétique »

### a. Le dogme central de la biologie moléculaire

Cette vision du « tout génétique » repose sur un certain nombre d'idées émises à partir de la fin des années 50 : les sciences de la vie au cours de ce demi-siècle se sont fortement appuyées sur une approche moléculaire et sur le développement continu des techniques et connaissances liées au gène renforçant une approche réductrice et se dotant d'une symbolique propre aux sciences de l'information<sup>3</sup>.

La philosophie, qui devint un dogme, et sur laquelle repose cette vision, a été énoncée en 1957 par Francis Crick lors d'une conférence sur la synthèse des protéines à la société de biologie expérimentale : « *toute l'information nécessaire à la formation des êtres vivants réside dans la molécule d'ADN. Cette information passe vers les protéines pour déterminer l'enchaînement des acides aminés. Tout transfert inverse de l'information, des protéines à l'ADN, est impossible* » (Morange, 1994, p.218).

Après la découverte de l'ARN messager, ce qui est appelé le « **dogme central de la biologie moléculaire** » prit sa forme définitive : « *l'ADN est copié en ARN qui lui-même était traduit en protéines* » (Morange.1994, p.218-219).

### **Une causalité linéaire et unidirectionnelle**

Le dogme en posant une **causalité linéaire et unidirectionnelle** qui part de l'ADN vers le cytoplasme et notamment les protéines, entraîne le rejet de toute possibilité d'influence extérieure substantielle sur les gènes, qu'elle vienne de l'environnement externe, ou de l'environnement intercellulaire ou intracellulaire. La notion de rétroaction circulaire est incompatible avec le dogme (Fox Keller, 1999). Dans ce contexte, le milieu n'a pas ou peu

---

<sup>3</sup> GROS, F. (2003). Les sciences de la vie au XXIe siècle. *Biologie Géologie*, n°2, 321-342.

d'impact : le gène s'exprime quel que soit le milieu dans lequel il se trouve (Rumelhard, 2007).

### **Le programme génétique**

Le terme de codage a été interprété en termes de programmation, faisant de l'ADN des cellules le **programme génétique** (Atlan, 1999).

Le terme de **programme génétique** a été introduit, en 1961, par Jacob et Monod dans un article sur la régulation des gènes. Pour eux « *la découverte de gènes régulateurs et opérateurs [...] révèle que le génome contient non seulement une série de plans, mais aussi un programme coordonné de synthèse des protéines, ainsi que les moyens de contrôler son exécutio.* » (Fox Keller, p.79, 2003).

Egalement en 1961, Ernst Mayr avance que les découvertes de l'ADN et du code génétique en permettant d'envisager « **qu'un programme génétique** » soit inscrit dans les séquences nucléotidiques de l'ADN ouvrent la possibilité de proposer une explication « mécaniste » à la fois du développement (Jacques Monod et François Jacob dans la logique du vivant), du fonctionnement des êtres vivants mais aussi de leur évolution.

Ainsi l'ADN fabrique l'ARN qui fabrique les protéines qui nous fabriquent (Fox Keller, 1999).

### **L'action génique**

Dans le discours de l'action génique, la métaphore dominante est celle des gènes comme agents actifs : « *les gènes « produisent leurs effets » en fournissant les « instructions » nécessaires à la synthèse des protéines* » (Fox Keller, 1999), « *tout à la fois code législatif et pouvoir exécutif [...]* »<sup>4</sup>. Ainsi était attribué au gène « [...] *la matérialité, l'action, la vie et la pensée* » (Fox Keller, 2003, p.48). Sa matérialité lui conférait sa stabilité, sa capacité à se reproduire, la capacité à diriger le développement, c'était lui reconnaître capacité d'action et de pensée.

Le gène était donc défini comme un lieu invariable et unitaire de structure, de fonction mais aussi comme un lieu d'action causale reliant notamment le gène à un caractère (**Fox Keller, 2003**).

---

<sup>4</sup> expression du physicien Erwin Schroedinger [1944, p.72] citée par Evelyne Fox Keller, 1999

Cause des caractères biologiques, l'ambition suprême des sciences biologiques devint d'identifier ces séquences et de comprendre comment les gènes agissent (Fox Keller, 1999). C'est dans cette logique que s'inscrit le projet génome humain.<sup>5</sup>

### **Relation entre la structure d'un gène et sa fonction**

A la question de savoir comment les gènes agissaient, l'hypothèse un gène- une enzyme apportée par Beadle et Tatum en 1940 allait conduire avec le développement de la biologie moléculaire à la correspondance entre la séquence de nucléotides d'un gène et la séquence d'acides aminés d'une protéine. La découverte en 1966 du code génétique exauçait le vieil espoir que la **fonction du gène puisse être lue dans sa structure (Fox Keller, 2003).**

Ainsi, il était admis qu'une conformation stable du repliement des protéines dans l'espace et une seule, ou **structure tridimensionnelle**, dont dépendent les fonctions et notamment l'activité enzymatique des protéines, est déterminée de façon univoque par leur structure unidimensionnelle, c'est-à-dire la séquence linéaire des acides aminés, codée elle-même, dans la séquence des nucléotides d'un gène (Atlan, 1999, p.18).

*« Cette vision matérielle et corpusculaire de l'hérédité est en adéquation avec le réductionnisme méthodologique de la science moderne »<sup>6</sup>.*

### **Remarque sur la relation de causalité établie entre gène et caractère**

Il est à noter que si la biologie moléculaire apporte des éléments concernant la relation entre ADN et protéine en proposant une explication de la synthèse des protéines, elle n'apporte aucun élément concernant le lien entre protéine et caractère et donc entre génotype et phénotype. Le seul phénotype dont l'établissement reçoit une explication est le phénotype moléculaire (l'établissement de la séquence des acides aminés des protéines) et les quelques phénotypes dont l'activité d'une protéine connue suffit à rendre compte. Pour les autres sont invoquées les propriétés enzymatiques des protéines ainsi synthétisées (Pichot, 1999).

---

<sup>5</sup> Le processus qui a conduit des découvertes de Watson et Crick au Projet Génome Humain est pour Evelyne Fox Keller (1999) logique et évident si l'on reprend ce raisonnement souvent rappelé par James Watson « Si tout développement n'est que l'application d'instructions préexistantes encodées dans les séquences de nucléotides de l'ADN- si ce sont nos gènes qui font de nous ce que nous sommes-, il est parfaitement légitime de faire de l'identification de ces séquences l'objectif premier, et même l'objectif ultime, de la biologie. »

<sup>6</sup> MORANGE, M. (2004a). La génétique : une science aux caractéristiques très particulières. In *Bull. Hist.Epistém. Sci. Vie*, 2004, 11, (2), 235-247 ??, p.235

Ainsi si la génétique classique faisait le lien entre gène et caractère sans rien pouvoir dire sur ce lien, la génétique moléculaire a élucidé la nature des gènes et a établi un lien entre gène et protéine. Les premiers outils permettant de questionner ce lien sont apparus dans les années 70 avec le développement du génie génétique.<sup>7</sup>

### **Expression schématique**

L'expression schématique (**Figure 2**) de ces idées correspond à un **schéma de causalité linéaire** représentant un **transfert d'information unidirectionnel** soit de l'ADN via l'ARN et les protéines vers les fonctions soit d'un gène via une enzyme vers une fonction ou un caractère (Atlan, 1999).

**Figure 2** : différentes représentations schématiques des relations entre génotype et phénotype dans le cadre de la vision du « tout génétique » :

ADN → ARNs → protéines → fonction

Un gène → une enzyme → une fonction ou un caractère

#### b. Une vision hégémonique en biologie

### **Génétique et biologie des organismes : de l'exclusion...**

Pour John Stewart (2004), génétique et biologie des organismes entretiennent une relation d'exclusion mutuelle. En effet, dans la période qui a précédé l'ère du « tout génétique », embryologie et physiologie prenaient peu en compte les résultats de la génétique. Pour les embryologistes, si les gènes pouvaient influencer des caractères superficiels comme la couleur des yeux, des fleurs, etc..., leur étude n'avait que peu d'intérêt dès qu'il s'agissait des processus fondamentaux de l'embryogénèse. L'argument principal étant que « [...] *si le noyau d'un œuf fertilisé était inactivé, la gastrulation se produisait malgré tout* » (Stewart, 2004, p.1).

Quant aux physiologistes, intéressés par l'identification de principes et de systèmes universels, ils étaient peu réceptifs à la mise en évidence de corrélations entre des différences physiologiques et génétiques au sein d'une même espèce.

---

<sup>7</sup> MORANGE, M. (2002). Histoire de la génétique. Conférence prononcée lors des journées nationales de SVT des 5 et 6 mars 2002. ??

La botanique et la zoologie comparées visaient la description, l'identification de la diversité des structures anatomiques et des formes de vie et à établir une organisation taxinomique des espèces. S'appuyant sur ces descriptions comparées, l'évolution, encore fondée sur l'examen des fossiles, prenait peu en compte les résultats de la génétique des populations, discipline abstraite et très mathématisée.

### **... a une certaine réduction de la biologie des organismes à la génétique**

Avec le développement de la génétique et le triomphe du cadre paradigmatique « du tout génétique » dans les années 60, toutes ces disciplines se sont recentrées autour de l'étude du gène (Stewart, 2004) et de *l'étude de des programmes*.<sup>8</sup>

De nombreuses expressions comprenant le terme de programme fleurissent : programme de développement, programme de comportement, etc....

L'usage du terme reflète la **place importante que la communauté scientifique faisait tenir à la génétique dans l'explication des grandes fonctions des organismes vivants**.<sup>9</sup>

Pour la biologie fonctionnelle, qui vise à comprendre les mécanismes du développement et du fonctionnement des êtres vivants, le **déroulement du programme** (sans intentionnalité) permet de rendre compte d'un apparent finalisme. De même, pour la biologie évolutionniste, faire reposer le fonctionnement des organismes sur des programmes capables d'être mutés puis d'être sélectionnés permet de rendre compte du caractère apparemment finaliste de l'évolution (Atlan, 1999).

Depuis les années 60, à la question de savoir quelle est la nature et la localisation de ce programme, la réponse est qu'il s'agit du **programme génétique** (Atlan, 1999).

Cette réponse a quasiment fait disparaître le développement embryonnaire de la biologie évolutionniste et moléculaire, car résoudre les problèmes du développement revenait à comprendre le programme génétique. En effet, on considérait que « *les gènes qui sont contenus dans le noyau cellulaire contrôlent activement non seulement la structure et le fonctionnement des organismes adultes mais aussi le développement embryonnaire* » (Atlan, 1999, p.43).

« *L'embryologie –rebaptisée « génétique du développement »- est devenue l'étude de l'activation des gènes dans les différents tissus aux différents stades du développement* » (Stewart, 2004, p.2). La morphogénèse est donc ramenée à l'activité des gènes.

---

<sup>8</sup> MORANGE, M. (à paraître). Autour de la post-génomique : quelques réflexions In ???

<sup>9</sup> MORANGE, M. (à paraître). Autour de la post-génomique : quelques réflexions In ???

La physiologie, devenue moléculaire, vise l'étude des cascades moléculaires dont on recherche davantage les effets sur « l'expression » d'un ou plusieurs gènes que sur, par exemple, les propriétés physiques de la cellule (Stewart, 2004).

Quant à l'évolution, son étude est devenue celle des modifications intervenues dans les séquences d'ADN (Atlan, 1999, p.43).

c. Méthodologie associée au paradigme du « tout génétique »: une approche ascendante

**Caractérisation de l'approche ascendante :**

Le dogme central a permis la formulation de questions en des termes qui ouvraient la voie à des programmes de recherche interrogeant les « chaînes de réactions » grâce auxquelles « les gènes produisent leurs effets ».

L'approche mise en place peut être qualifiée d'ascendante car débutant par les gènes. Elle reconstruit la séquence des protéines, leurs structures pour aller vers les voies biochimiques. La reconstruction traverse ainsi tous les niveaux biologiques jusqu'aux organes, aux systèmes, voire à l'organisme (Noble, 2007).

Dans cette vision réductionniste peut être dessinée une chaîne causale unidirectionnelle et ascendante permettant de conduire du génotype au phénotype et supportant un certain déterminisme génétique (Noble, 2007).

**Une méthodologie réductionniste efficace**

Pour Denis Noble (2007), le bilan des résultats obtenus en 50 ans depuis la découverte que le matériel génétique est une molécule d'ADN<sup>10</sup> reflète la prodigieuse réussite du paradigme du « tout génétique » et notamment de la méthodologie employée qui visait à morceler les systèmes vivants, qualifiée de méthodologie réductionniste.

---

<sup>10</sup> Denis Noble (2007) rappelle qu'ont été dénombrées et identifiées les paires de bases d'un génome humain, compris comment la succession de ces paires de base rend possible la synthèse d'une protéine, qu'a été décrypté le code, que la séquence et la structure de nombre de protéines encodées par l'ADN sont désormais connues.

d. la vision du « tout génétique » : un réductionnisme génétique ?

Le terme « réductionnisme » est polysémique comme le rappelle Desbeaux-Salviat (2000).

Francisco Ayala<sup>11</sup> distingue trois significations différentes pour le mot réductionnisme<sup>12</sup> :

- le réductionnisme ontologique : « la conviction « philosophique » que tout ce qui se passe au niveau « supérieur » de complexité découle des évènements qui se produisent au niveau « inférieur » » ;
- le réductionnisme épistémologique : qui vise à expliquer les observations faites dans toutes les autres sciences biologiques en termes moléculaires ;
- le réductionnisme méthodologique : qui prétend que l'approche moléculaire est souhaitable car plus efficace que les méthodes globales pour étudier les phénomènes vivants.

Il nous semble que cette vision du « tout génétique » telle que nous l'avons caractérisée est un réductionnisme dans les trois sens du mot.

**Un réductionnisme ontologique** lorsque Crick déclare en 1957 que « *toute l'information nécessaire à la formation des êtres vivants réside dans la molécule d'ADN* » ou que l'on compare l'ADN au « *livre de la vie* » (Fox Keller, 2003, p.56), d'une certaine façon les gènes portaient en eux les caractéristiques de l'organisme<sup>13</sup>.

**Un réductionnisme épistémologique** lorsqu'est avancée l'idée **qu'un programme génétique** est inscrit dans les séquences nucléotidiques de l'ADN et ouvre la possibilité de proposer une explication « mécaniste » à la fois du développement, du fonctionnement des êtres vivants mais aussi de leur évolution.<sup>14</sup>

Enfin, **un réductionnisme méthodologique** dans la mesure les études menées dans le cadre de cette vision ont privilégié l'approche moléculaire dans le cadre de la méthodologie réductionniste ascendante.

---

<sup>11</sup> Cité par Morange (1994), p.323.

<sup>12</sup> Desbeaux- Salviat (2000) propose également trois acceptions : les réductionnismes théorique, constitutif et explicatif. La lecture des leur caractérisation montre une correspondance entre le réductionnisme théorique et le réductionnisme épistémologique, entre le réductionnisme constitutif et le réductionnisme ontologique et entre le réductionnisme explicatif et le réductionnisme méthodologique.

<sup>13</sup> MORANGE, M. (2004a). La génétique : une science aux caractéristiques très particulières. In *Bull. Hist.Epistém. Sci. Vie*, 2004, 11, (2), 235-247, p.235

<sup>14</sup> Ernst Mayr cité par Atlan (1999), Stewart (2004) et Noble (2007).

Enfin pour Morange (2001) réduire les propriétés complexes des organismes vivants aux caractéristiques d'une ou de quelques macromolécules biologiques, d'un ou de quelques gènes témoigne d'un **réductionnisme linéaire**.

e. Une vision déterministe ?

Critiquant cette vision du « tout génétique » un professeur de biologie cellulaire et moléculaire de Berkeley écrivait en 1997 dans *Nature Biotechnology* que « *l'ère de Watson et Crick qui avait commencé comme une théorie et un paradigme du gène correctement définis de façon étroite, a évolué depuis de façon erronée vers une forme ressuscitée et essentiellement moléculaire de **déterminisme génétique*** » (cité par Atlan, 1999).

Le déterminisme étant une « *conception positive, fondée sur la vérifiabilité des phénomènes, selon laquelle certaines conditions étant données, les faits qui s'ensuivront sont prévisibles avec précision* » ((Morphaux, 1980, p.80), l'expression « **déterminisme génétique** » signifie que la connaissance de l'ADN suffit à prévoir les « faits qui s'ensuivront ». Ce déterminisme génétique s'affiche tout particulièrement sur les schémas linéaires présentés dans la **figure 2** qui reprennent les principales caractéristiques du dogme central.

## 2) la nouvelle vision : une vision systémique

Plusieurs lignes de recherches ont contesté le rôle des gènes et la place qu'ils occupent dans le fonctionnement du vivant : les prions, les phénomènes épigénétiques par exemple. Ces phénomènes ne sont ni indépendants, ni incompatibles avec les phénomènes génétiques, ils sont un au-delà de la génétique, bien plus qu'une remise en question.<sup>15</sup>

Atlan débutait, en 1998, la conférence qu'il donnait au groupe Sciences en questions de l'INRA en indiquant que le paradigme du **réductionnisme génétique** établi dans les années 60 suite aux premières grandes découvertes de la biologie moléculaire était remis en question par un certain nombre de résultats de recherche qui par ailleurs dessinaient le cadre d'un nouveau paradigme. Morange (à paraître) parle lui de l'émergence d'une nouvelle vision de la fonction des gènes.

---

<sup>15</sup> MORANGE, M. (2004a). La génétique : une science aux caractéristiques très particulières. In *Bull. Hist.Epistém. Sci. Vie*, 2004, 11, (2), 235-247, p.235.

Nonobstant le débat autour de la notion de paradigme<sup>16</sup>, il n'en reste pas moins que ce que ces deux auteurs décrivent est une remise en question d'un réductionnisme génétique qui place le gène ou le génome au cœur de toute explication et donc de toute recherche. L'intérêt initialement centré sur l'ADN, puisque l'explication de toute fonction s'y trouvait, se déplace vers une analyse complexe, « *qui oblige à établir, à chaque étape, des boucles de rétro-action et à étudier la structure de ces réseaux d'interactions* » (Atlan, 1999, p.19).

Les propriétés, capacités et pouvoirs autrefois attribués aux seuls gènes, doivent être redistribués aux différents acteurs cellulaires (Fox Keller, 2003).

a. La vision globale : caractérisation par rapport à la vision du « tout génétique »

**i. Une première implication de cette vision est que le code ADN n'a aucun sens s'il n'est pas interprété par une machinerie cellulaire et réciproquement (Nobel, 2007)**

D'un point de vue fonctionnel, l'ADN ne détermine pas les protéines, il participe à un processus qui nécessite des systèmes protéiques pour transcrire, traduire, réguler. Il existe des régulations qui conditionnent la lecture du code génétique (transcription) et des régulations qui adviennent après la transcription : la lecture du génome est donc variable et combinatoire et est régulée en fonction de l'état et du type de la cellule (épissage alternatif, édition)<sup>17</sup>.

En conséquence, **la séquence d'ADN renseigne peu sur les protéines qu'elle code** : un même gène peut être à l'origine de dizaines ou de centaines de protéines différentes qui dépendent des modalités de lecture de l'ADN ou des modifications post-traductionnelles<sup>18</sup>.

Le choix s'inscrit dans la dynamique régulatrice de la cellule et ne revient pas au gène seul.

Les structures génomiques et le vaste réseau de la machinerie cellulaire formeraient un complexe interactif (Atlan, 1999).

---

<sup>16</sup> Atlan définit un paradigme en référence à Kuhn comme « un ensemble d'idées, de conceptions, qui forment un cadre de pensée à l'intérieur duquel on pense, on imagine et on planifie des expérimentations, on interprète les résultats, on élabore des théories... » (Atlan, 1999, p.11-12)

<sup>17</sup> Noble (2007) ; La complexité dans le génome : <http://cirs.fr/breve.php?id=915>

<sup>18</sup> Déterminisme génétique : <http://cirs.fr/breve.php?id=297>

L'éclaircissement des circuits de signalisation cellulaire est un des objectifs majeurs de la biologie contemporaine. L'un des enseignements de ces études est la **complexité de ces voies de signalisations**.

Quatre principes fondamentaux, devenus aujourd'hui emblématiques de la nouvelle vision de la fonction des gènes, les caractérisent<sup>19</sup>: organisation en réseaux, pléiotropie, redondance et conservation au cours de l'évolution.

## ii. Nouvelle vision de la fonction des gènes

### **Organisation en réseaux :**

Les produits élémentaires de gènes interagissent sous forme de voies, de réseaux complexes, de machines macromoléculaires **utilisées, en tout ou en partie, pour accomplir des tâches différentes (Morange, 2002)**.

Cette caractéristique de l'organisation fonctionnelle des gènes explique que malgré leur action déterminante dans la construction et le fonctionnement des organismes vivants, ils soient si difficile de désigner les gènes impliqués dans un processus biologique particulier (Morange, 1998).

### **Pléiotropie :**

Chaque gène participe à la réalisation de plusieurs tâches dans l'organisme : en effet les composants moléculaires de ces réseaux, les protéines codées par les gènes, ont souvent des fonctions multiples et participent à de nombreuses voies, de nombreux processus. Ainsi **chaque produit de gène participe à la réalisation de multiples caractères** — action dite **pléiotropique des gènes**—, et chaque caractère résulte de l'action de centaines, voire de milliers de protéines, chacune étant le produit d'un gène élémentaire (**Morange, 2002**).

### **Redondance :**

Plusieurs gènes de structure proches<sup>20</sup> participent à la réalisation d'un caractère (masque la mutation de l'un de ces gènes) : ainsi une même fonction est souvent assurée «en parallèle»

---

<sup>19</sup> MORANGE, M. (à paraître). Autour de la post-génomique : quelques réflexions In ???

par plusieurs composants élémentaires semblables, mais distincts assurant une redondance partielle qui assure une compensation fonctionnelle entre les fonctions accomplies par chacun de ces gènes (Morange, 1998, 2002).

Une compensation fonctionnelle peut aussi intervenir à l'intérieur d'une cellule, entre cellules à l'intérieur d'un organe, d'un organisme. Peut s'ajouter en outre une compensation adaptative qui pendant le développement remédiera aux déficiences géniques (Morange, 1998).

### **Conservation au cours de l'évolution :**

Les composants élémentaires et donc les gènes, impliqués dans ces voies de signalisation, sont très conservés au cours de l'évolution (**Morange, 2002**).

### **iii. un gène : deux entités différentes**

Si comme le dit Fox Keller (2003), le XXème siècle a été celui du gène, celui-ci s'achève sur une modification en profondeur de la vision de sa structure et de sa fonction. Pour elle, la notion de gène recouvre deux entités différentes :

- « *entité structurale maintenue par la machinerie moléculaire de la cellule de telle sorte qu'elle peut être transmise fidèlement de génération en génération*
- *entité fonctionnelle qui ne se manifeste que par l'interaction dynamique de très nombreux acteurs : le gène structural étant un de ces acteurs parmi d'autres »*

Qui correspondent à différentes unités :

---

<sup>20</sup> Chez les Vertébrés, le génome provient de duplications répétées des génomes d'organismes multicellulaires plus simples (Morange, 1998) : un gène est remplacé par une famille de gènes, aux fonctions semblables, mais non identiques,

- une unité de fonction : entité fonctionnelle qui peut n'avoir aucune stabilité car elle dépend de la dynamique fonctionnelle de l'organisme entier et dont l'expression est la séquence d'ARN après épissage et édition ;
- une unité de transmission : entité structurale responsable de la mémoire intergénérationnelle ;
- une unité de transmission, de mutation (Rumelhard, 1986).

**iv. Le vivant possède une structure hiérarchique : « l'ordre n'est plus  
« en bas » (ou seulement « en bas »), mais aussi « en haut » ».<sup>21</sup>**

L'action des gènes, de leurs produits s'exerce à travers la hiérarchie d'organisation et de structure du monde vivant : complexes macromoléculaires, organites, cellules, tissus, organes, organismes, populations animales. Ainsi s'il existe bien une chaîne causale qui relie le produit du gène à son action dans l'organisme vivant celle-ci traverse différents niveaux d'organisation qui chacune lui impose son ordre et sa logique (Morange, 1998).

*« Chaque niveau porte des principes différents. Les lois qui interviennent à un niveau élémentaire sont toujours valables au niveau supérieur. Néanmoins, de nouvelles caractéristiques apparaissent. Ces dernières sont nécessaires pour comprendre ce qui se passe à des niveaux plus complexes.<sup>22</sup> »*

Des propriétés peuvent émerger du système, sans être contenues dans les composants élémentaires (Morange, 2001). Certains phénomènes (comme le rythme d'une cellule cardiaque) sont des propriétés d'un niveau du système. Il n'y pas de « gène » générateur de rythme au niveau inférieur. Le rythme émerge au niveau cellulaire, il s'agit d'une activité intégrative. Pour Denis Noble (2007) cet exemple montre une causalité qui agit dans les deux sens. Une causalité ascendante et descendante (effet rétro-actif) est donc en jeu (Noble, 2007). Ainsi les systèmes vivants composés de multiples niveaux s'influenceraient mutuellement par des boucles de rétroaction montantes et descendantes.

<sup>21</sup> Citation de François Jacob en 1977 citée par MORANGE, M. (2003). Les origines de la vie. Le point de vue d'un historien de la biologie. In Débats sur le vivant, M.C.Maurel & P.A. Miquel (Coord). p.23-39.

<sup>22</sup> MORANGE, M. (2002). Histoire de la génétique. Conférence prononcée lors des journées nationales de SVT des 5 et 6 mars 2002.

Pour Denis Noble cette absence de niveau privilégié de causalité est l'un des principes d'une biologie des systèmes qui s'inscrirait donc dans cette nouvelle vision.

**v. Le système ne se limite pas au corps lui-même mais inclus également l'environnement (Nobel, 2007)**

Un caractère résulte de l'interaction des influences à la fois des d'un réseau de gènes mais aussi d'influences extérieures (Morange, 2001). Par exemple pour expliquer l'émergence d'un comportement Morange (2002) indique qu'elle dépend en premier lieu de la structure du cerveau qui est modulée et modelée à la fois par des influences génétiques (réseau de gènes) et par des influences environnementales (parents, éducation, etc...).

Milieu et génome sont donc à penser comme deux causes possibles d'un phénomène observé, pris dans une relation fonctionnelle, changeante au fur et à mesure de son fonctionnement et qui ont une action réciproque l'un sur l'autre (Rumelhard, 2007).

**vi. La remise en question du « programme génétique » pour un programme décentralisé**

Dans le cadre de cette nouvelle vision, où le gène n'est plus un agent causal, égoïste, mais un gène « prisonnier » d'un système capable de l'interpréter, et avec lequel il est en interaction (coopération entre gènes, produits de gènes, régulations...), où la prise en compte des niveaux d'organisation, des influences environnementales dénie au niveau génétique le privilège de la causalité, la notion de **programme génétique** n'a plus de sens (Atlan, 1999, Stewart, 2004, Noble, 2007).

Un certain nombre d'auteurs (Atlan, 1999, Noble, 2007) redéfinissent le génome comme « **une base de données** ».

Pour Atlan (1999), le modèle qui s'accorde le mieux avec les données de l'observation est un modèle où l'ADN et la machinerie cellulaire forment un complexe interactif : les gènes modifient le milieu cellulaire et donc le fonctionnement de son réseau biochimique qui en retour modifie l'état d'activité du gène. Il qualifie ce modèle de « **réseau évolutif** » parce que c'est « [...] *un réseau dont la structure change au fur et à mesure de son*

*fonctionnement* »<sup>23</sup>(Atlan, 1999, p.37) et où l'ADN et la machinerie cellulaire jouent alternativement les rôles de données et de programme. Fox Keller (1999) parle, elle, de « programme » décentralisé.<sup>24</sup>

En outre, ce programme décentralisé pourrait être considéré comme irréductible dans le sens où rien de moins complexe que l'organisme pourrait être capable de le mettre en œuvre (Fox Keller, 1999).

Noble (2007) remet, quant à lui, en question toute idée de programme quel que soit le niveau considéré en raison de la multiplicité des causalités montantes et descendantes.

#### **vii. Existence d'autres supports de l'hérédité (Atlan, 1999, Stewart, 2004, Noble, 2007)**

L'importance des mécanismes épigénétiques reste encore à prendre en compte et la persistance de leurs effets sur plusieurs générations les rend sensibles à la sélection naturelle. Noble (2007) entrouvre ainsi une porte sur une forme de Lamarckisme.

Par ailleurs, comme Atlan (1999) et Stewart (2004), il rappelle que les fonctions des systèmes biologiques reposent sur des propriétés de la matière non déterminées par les gènes (informations contenues implicitement dans les propriétés physico-chimiques des molécules constituant l'organisme (l'eau, les lipides, ...)).

---

<sup>23</sup> « Sur des durées courtes (quelques minutes à quelques heures), la machinerie cellulaire traite les données produites par les gènes actifs et atteint un état stable fonctionnel. Mais sur des durées plus longues (heures, jours, ou plus), certains états stables du réseau modifient l'état d'activité différentielle des gènes. Ceci entraîne une nouvelle structure du réseau de réactions, qui produit un nouvel état stable, et ainsi de suite. » (Atlan, p.37).

<sup>24</sup> En effet, les résultats des recherches en biologie du développement ne confirment ni thèse du contrôle cytoplasmique ni celle du contrôle nucléaire mais vont dans le sens de définir un système complexe fortement coordonné de dynamiques régulatrices qui opèrent à plusieurs niveaux en même temps : activation transcription, traduction, protéine, communication intercellulaire dans le noyau comme dans le cytoplasme, dans l'organisme tout entier (Fox Keller, 1999)

### **viii. L'atténuation du déterminisme génétique et la fin d'un certain réductionnisme**

**La formation d'un caractère, les structures et fonctions complexes ne s'expliquent pas à partir de l'existence et des caractéristique d'un ou de quelques composants élémentaires tels les gènes et/ou les protéines (Morange, 2004b, Stewart, 2004)**

*« Même si le terme de gène demeure, le pouvoir des gènes est néanmoins ressorti transformé et en grande partie amoindri des observations faites ces durant ces dernières décennies et, avec lui, une certaine forme de déterminisme génétique. »<sup>25</sup>*

Il s'agit donc de s'orienter vers une vision qui sans nier la fonction des gènes, s'éloigne d'une présentation caricaturale du déterminisme génétique qui conduit notamment à déduire de l'observation d'un lien entre la mutation d'un gène et l'effet sur le phénotype, un rôle supérieur au gène par rapport aux autres composants de l'organisme.<sup>26</sup>

#### **La fin d'un certain réductionnisme ontologique**

Cette nouvelle vision permet de prendre en compte les structures hiérarchiques du vivant, souvent oubliées dans les années 60, comme élément important dans la compréhension des relations entre protéines et caractère. Cette prise en compte s'inscrit dans une lutte contre un certain réductionnisme qui vise à réduire tout phénomène complexe à des phénomènes simples. Ainsi si les lois du niveau inférieur sont toujours valables au niveau supérieur, chaque nouveau niveau peut se caractériser par l'apparition de nouvelles caractéristiques qui n'existe pas au niveau inférieur.<sup>27</sup>

---

<sup>25</sup> MORANGE, M. (2004b). Déconstruction de la notion de gène. Extrait choisis par G.Friedlander. In *Medecine sciences*, volume 20, n°10, octobre 2004.

<sup>26</sup> MORANGE, M. (2004b). Déconstruction de la notion de gène. Extrait choisis par G.Friedlander. In *Medecine sciences*, volume 20, n°10, octobre 2004.

<sup>27</sup> MORANGE, M. (2004a). La génétique : une science aux caractéristiques très particulières. In *Bull. Hist.Epistém. Sci. Vie*, 2004, 11, (2), 235-247, p.247.

## b. Conséquences méthodologiques de cette nouvelle vision

L'investigation de la signification biologique des variations d'un gène requiert la mise en œuvre d'un large spectre d'approches, chacune possédant ses intérêts et ses limites.<sup>28</sup>

### i. **Limites de l'approche ascendante**

Si la lecture du génome est variable et combinatoire, si le fonctionnement des gènes se caractérise par une organisation en réseau, une redondance et la pléiotropie, si à chaque niveau d'organisation de nouvelles propriétés non prédictibles au niveau inférieur peuvent émerger, si le lien causal entre phénotype et génotype n'est plus un lien unidirectionnel et linéaire, il devient difficile de chercher par une méthode ascendante à comprendre un phénomène complexe.

Une des difficultés à comprendre comment émerge un phénotype à partir de la connaissance du génotype par une méthode ascendante est que d'une part le nombre des gènes impliqués est très élevé et que d'autre part le nombre des combinaisons possibles<sup>29</sup> à explorer au fur et à mesure que l'on monte dans les niveaux d'organisation explose (Noble, 2007, Stewart, 2004). La conséquence est que les études s'arrêtent souvent aux protéines, sans que la physiologie ne soit abordée (Stewart, 2004).

En outre cette méthode ne permet pas de prendre en compte pour un niveau d'organisation l'émergence de nouvelles propriétés non prédictibles à partir de la connaissance du niveau inférieur.

---

<sup>28</sup> Raymond B. Penn, Victor E. Ortega and Eugene R. Bleecker . A Roadmap to functional genomics. *Physiol. Genomics* 30: 82-88, 2007.

<sup>29</sup> la reconstruction exhaustive de l'activité d'une cellule isolée nécessiterait de simuler l'interaction de 10 puissance 12 molécules (Denis Noble, 2007).

## **ii. Des analyses systémiques et intégratives : le génome doit être lu à partir du phénotype**

**Articuler les approches intégratives et réductionnistes : la nécessité d'articuler des résultats issus de différentes disciplines (Stewart, 2004)**

La méthodologie descendante procède en descendant les niveaux d'organisation. Partant du comportement d'ensemble des systèmes, il s'agit d'identifier et d'explorer les éléments de chaque système de façon à en déduire les mécanismes et les fonctions sous-jacentes.

L'analyse descendante permet, grâce aux analyses des niveaux supérieurs d'identifier les mécanismes, les interactions pertinents et d'ignorer les autres. Le filtre des niveaux supérieurs permet de réduire la quantité d'informations à recueillir et à analyser dans les niveaux inférieurs.

**L'étude synergique de la génétique et de la physiologie ou de l'embryologie par une approche descendante permet de reconstituer les chaînes causales (Stewart, 2004)**

L'étude des chaînes causales menant d'une différence génotypique à une différence phénotypique dans un organisme nécessite le recours à la physiologie c'est-à-dire à des connaissances portant sur le fonctionnement dynamique de l'organisme en synchronie à un moment donné. L'arbre généalogique des causes différentielles obtenu traverse les niveaux d'organisation considéré en synchronie.

Pour l'ontogénèse et les connaissances en embryologie, « [...] « l'arbre généalogique des causes différentielles possède une structure analogue, mais avec une différence : la structure en question se déploie dans le temps » (Stewart, 2004, p.120). L'ontogénèse est en effet ici conçu comme un processus historique « [...] où chaque stade crée les conditions du stade suivant » (Stewart, 2004, p.120).

## **L'explication intégrative**

La biologie des systèmes qui recherche la « [...] *logique d'ensemble d'un processus biologique de niveau supérieur, et sur l'éclairage que cela pourrait amener quant au fonctionnement des niveaux inférieurs et quant à l'évolution de l'ensemble* » (Noble, 2007, p.105) est fondée sur la recherche d'une explication intégrative articulant les approches ascendantes et descendantes.

L'explication intégrative d'un phénomène biologique se caractérise donc par la recherche des causalités descendantes en plus d'une analyse réductionniste. Il s'agit d'accepter l'idée selon laquelle « *causalité et explication ne sont pas toujours dirigées des niveaux les plus bas vers les niveaux les plus élevés* » (Noble, 2007, p.116). Les explications intégrationnistes viennent donc comme complément du réductionnisme.

L'objectif est de relier les différents niveaux. Il nécessite la connaissance des composants moléculaires impliqués dans la fonction et de leurs propriétés (c'est-à-dire une reconstruction de type ascendante), mais également la connaissance des rétroactions venant des niveaux supérieurs. Aucun niveau explicatif n'est privilégié.

### **Ces explications intégratives posent la question de la modélisation :**

Denis Noble donne l'exemple de la réalisation d'un cœur virtuel. Il intègre les modèles cellulaires, relie le niveau cellulaire au niveau protéique, peut descendre jusqu'au niveau génétique : « *représenter les profils d'expression génique d'un cœur normal et d'un cœur malade ainsi que les effets physiologiques produits par des changements génétiques particuliers* » (Stewart, 2004p.144). La limite de ce modèle est qu'il ne prend en compte que 2% des gènes impliqués. Si cela souligne la modularité de la nature, cela souligne aussi le fossé qui nous sépare d'une compréhension complète.

- c. L'affirmation de cette nouvelle vision est corrélée au renouveau des disciplines non centrées sur le niveau moléculaire : la fin d'un certain réductionnisme épistémologique ? (Stewart2004, Gros, 2003)

L'émergence progressive d'une vision systémique, qui replace l'organisme au centre, relance l'intérêt pour les disciplines scientifiques non centrées sur le niveau moléculaire comme l'embryologie, la morphogénétique (étude de la différenciation avec des travaux sur la polarité morphogénétique et l'action des gènes homéotiques), la physiologie, la biologie des organismes<sup>30</sup> ...

Stewart (2004) appelle de ses vœux la mise en place d'une réelle synergie entre les résultats obtenus entre les différents niveaux d'organisation pour avoir une vision intégrée du fonctionnement et combler le fossé entre l'information génétique et le caractère.

Ce renouveau des disciplines non centrées sur le niveau moléculaire suggère une **atténuation du réductionnisme épistémologique qui caractérisait le champ de biologie** au cours de la seconde moitié du XXème siècle et une volonté **d'intégration du réductionnisme méthodologique** à d'autres approches centrées sur d'autres niveaux d'organisation.

- d. L'affirmation de cette nouvelle vision s'accompagne de besoins en biologie théorique (Morange, 2006)

Pour Morange (2006), la période actuelle est favorable à la biologie théorique car la vision moléculaire a échoué, la biologie moléculaire et son dogme central ont atteint leurs limites et rendu possible la formulation de nouvelles questions qui s'accompagnent de besoins en biologie théorique.

Il identifie trois types de besoins en biologie théorique explicités dans le **tableau 20**

- des besoins pour penser la pluridisciplinarité nécessaire pour le progrès des connaissances ;
- des besoins pour penser ce que recouvre l'idée de chercher une vision globale (recherche de loi, recherche de l'exhaustivité au niveau moléculaire ou recherche d'une vision intégrant l'ensemble des niveaux d'organisation) ;

---

<sup>30</sup> GROS, F. (2003). Les sciences de la vie au XXIe siècle. *Biologie Géologie*, n°2, 321-342.

- des besoins pour penser la temporalité des processus biologiques et ce à différentes échelles (temps moléculaire, temps des interactions, temps de l'évolution)

**Tableau 20 :** Explicitation des types de besoins en biologie théorique (d'après des notes personnelles d'une présentation de Morange en 2006)

Type de besoins	explicitation
<b>besoin de pluridisciplinarité pour le progrès des connaissances</b>	Penser la modélisation des phénomènes biologiques qui repose aussi sur les mathématiques, l'informatique, la physique ; Penser l'importation de modèles épistémologiques
<b>Penser ce que recouvre le terme de global dans la recherche d'une « vision globale » du vivant</b>	l'espoir de dégager des lois, des principes qui simplifient la complexité du vivant pour en avoir une vision d'ensemble (Morange, 2006) se poser la question de savoir quand il est utile ou pas de simplifier, de généraliser, de rechercher des principes unificateur
	passer d'une vision ponctuelle, « réductionniste » à une vision plus globale (ex : dans la continuité du programme séquençage, avoir une vision d'ensemble de toutes les molécules d'une cellule)
	avoir une vision à tous les niveaux d'organisation du vivant afin de rééquilibrer la vision moléculaire en déplaçant les programmes de recherche vers d'autres niveaux d'explication des phénomènes (idée forte : certains phénomènes ne peuvent être expliqués qu'à certains niveaux) il s'agit de redonner à chaque niveau son importance discussion autour des causalités ascendante/ descendante et de « l'émergentisme » (apparition à certains niveaux de certaines propriétés nouvelles)
<b>Penser une temporalité dans les processus biologiques et ce à</b>	élémentaire/ moléculaire : agitation moléculaire permanente est considérée comme un bruit, perturbe le système mais ne l'explique pas

<b>différentes échelles</b>	le bruit retrouve une place : voir comment il est neutralisé, comment les systèmes vivants l'utilisent pour réaliser leurs fonctions
	comprendre le fonctionnement dynamique ie les interactions implique de prendre en compte dans les réseaux, les variations de temps, les oscillations (existe des dynamiques révélées par l'étude du fonctionnement globale du système)
	réintroduire le temps de l'évolution : en biologie tout doit être expliqué au regard de l'évolution

e. Impact de cette nouvelle vision sur la notion de vie et son origine :<sup>31</sup>

Dans le cadre de cette nouvelle vision :

- la vie n'est plus caractérisée par la nature des composants élémentaires mais par leur fonctionnement intégré ;
- les gènes ne sont plus à l'origine de la vie mais le produit de son évolution : le fondement de la vie ce sont les fonctions capables de se perpétuer, les gènes n'en sont qu'une forme de mémoire élaborée et non le principe de la vie.

De même la compréhension de l'évolution, aux vues de ces résultats n'est pas à rechercher dans les gènes mais dans leur fonctionnement, c'est-à-dire dans la façon dont les composants élémentaires, très conservés depuis des centaines de millions d'années, se sont recombines, associés pour finalement engendrer des fonctions plus complexes (Morange, à paraître).

Par contre il est important de souligner que les gènes sont importants pour les organismes vivants parce que des différences de l'ADN peuvent être la cause de différences phénotypiques : ils créent donc la possibilité d'une évolution des organismes par variation aléatoire et sélection naturelle (Stewart, 2004).

---

<sup>31</sup> MORANGE, M. (2003). Les origines de la vie. Le point de vue d'un historien de la biologie. In Débats sur le vivant, M.C.Maurel & P.A. Miquel (Coord). p.23-39.

f. Des résistances au changement de vision

**i. Le maintien de recherches centrées sur l'identification du gène responsable d'un caractère :**

Découverte du gène de l'infidélité, de l'intelligence, de l'homosexualité...autant d'annonces qui témoignent de la persistance du « tout génétique » et de la métaphore du programme.

Une des raisons du maintien de ce type de recherche est qu'il est plus facile de repérer des déterminismes génétiques d'un phénomène que de le comprendre d'une façon globale et intégrée qui renvoie à une multiplicité de facteurs causaux intriqués les uns aux autres. En outre, l'idée de programme génétique reste séduisante dans la mesure où elle permet d'avancer une cause unique qui contient elle-même ses effets ce qui simplifie les explications (Atlan, 1999 ; Morange, à paraître).

**ii. La relation un gène- un caractère est par sa simplicité attrayante**

Elle renvoie à l'idée que quelque part sont inscrites les caractéristiques du vivant, de l'homme (Atlan, 1999).

En outre, une part irréductible de vérité existe dans l'affirmation que la continuité de la vie repose sur la discontinuité de ses composants. Le fait que ces composants ne correspondent pas aux caractères de l'organisme, que chacun résulte d'une combinatoire dynamique se heurte à la réalité confortée par les travaux de génétique et de génomique que « *les organismes sont formés de macromolécules fabriquées indépendamment les unes des autres et [que] pour les reproduire exactement de génération en génération, les organismes ont acquis une sorte de mémoire, le matériel génétique, permettant de fabriquer de novo ces différentes pièces.* »<sup>32</sup>

---

<sup>32</sup> MORANGE, M. (2004a). La génétique : une science aux caractéristiques très particulières. In *Bull. Hist.Epistém. Sci. Vie*, 2004, 11, (2), 235-247, p.235.

Enfin, elle a également apporté aux généticiens une valorisation de leur discipline en termes de scientificité, les gènes étant comparés aux atomes de la biologie.<sup>33</sup>

g. Impact de la vision dans laquelle le gène est inscrit sur des questionnements éthiques

Pour Atlan (1999), un des aspects en jeu dans ces évolutions est leur impact sur la signification nouvelle ou l'absence de signification de la notion de vie et de ses retombées sur les débats relatifs aux problèmes d'éthiques biomédicales, mais aussi environnementales ou encore industrielles.

**Protéger le patrimoine génétique<sup>34</sup> : génome essence ou pas de la vie ?**

Cette notion est devenue une référence pour un grand nombre des défenseurs de la biodiversité animale ou végétale ou pour les opposants à toute manipulation génétique.

Protéger le patrimoine génétique actuel c'est prévenir l'apparition de nouvelles variations alors que son évolution est consubstantielle à l'histoire de la vie. Dire que la ressource des formes géniques est une ressource pour faire face à des modifications de l'environnement, c'est, appliqué à l'être humain, suggérer que son avenir est dans ses caractéristiques biologiques.

Refuser toute intervention sur les génomes en s'appuyant sur le respect du patrimoine génétique est absurde scientifiquement car cette notion valorise indûment les gènes et leur rôle et est dangereux d'un point de vue éthique car elle sacralise les gènes au détriment de l'être humain (Morange, 1998, Atlan, 1999).

A l'inverse, dans la vision systémique, « *l'essence de la vie* », si cette expression peut avoir un sens, pourrait se localiser « *dans l'ensemble des systèmes dynamiques que constituent les réseaux biochimiques par lesquels des états fonctionnels se maintiennent, se transforment et se transmettent* » (Atlan, 1999, p.56). Réaliser une thérapie génique dans ce contexte n'aura clairement pas le même sens.

---

<sup>33</sup> MORANGE, M. (2004b) – Déconstruction de la notion de gène. In M. Fabre-Magnan & P. Moullier, La génétique, science humaine, (pp.104-119). Paris : Belin.

<sup>34</sup> MORANGE, M. (2004b) – Déconstruction de la notion de gène. In M. Fabre-Magnan & P. Moullier, La génétique, science humaine, (pp.104-119). Paris : Belin.

h. Recensement des raisons pour lesquels la vision des gènes oscille entre fascination et peur (Morange, 1998)

Le **tableau 21** récapitule les raisons avancées par Morange (1998) pour lesquelles la vision des gènes oscille entre fascination et peur.

**Tableau 21:** Recensement des raisons pour lesquels la vision des gènes oscille entre fascination et peur (d'après Morange, 1998)

<u>Type de peur</u>	<u>rationalisation</u>
les gènes ne sont pas contraignants seulement pour nous, mais aussi pour notre descendance (diagnostic génétique)	vrai dans le cas des mutations dominantes ne touchant qu'un seul gène, mais dans la plupart des cas = recherche de gènes (voire de multiples gènes) de susceptibilités => risque lié à une combinaison particulière de formes géniques dont la probabilité de se transmettre au cours des générations est faible. (p.192)
peur liée à l'histoire de la biologie et de la génétique et aux métaphores utilisées par les biologistes	-valorisation des gènes qui apparaissent comme les constituants fondamentaux de tout être vivant, ce autour de quoi tout s'organise = conséquence de la tradition réductionniste de la science moderne (gènes = les atomes de la biologie (Jean Rostand)) ; -assimilation du génome à un texte : caractéristiques du génome : stabilité au cours de la vie d'un organisme et dans sa descendance et son intégralité mais = mémoire vide. Les vrais agents biologiques = protéines (p.193).  L'écriture ne précède pas la parole ni ne lui est supérieure mais a augmenté son pouvoir et son efficacité (p.194).
projets eugénistes = ceux visant à améliorer la qualité de la descendance humaine	-précèdent de beaucoup l'essor de la génétique ; -génétique a marqué profondément les projets eugénistes en révélant ce qui donne aux EV leurs caractéristiques spécifiques ; -Métaphore rend le projet plus présentable : modifier l'homme =

(p.197)	corriger un texte mal écrit, comportant des fautes d'orthographe (p197).
Biologie moderne apporte des outils pour changer le texte génétique	transgénèse additive transgénèse substitutive

## **ANNEXES PARTIE III**

**Tableau 22** : Proposition d'un tableau récapitulant les finalités ou problématiques des différentes pratiques de recherche scientifique en génétique

<b>Pratiques de recherche scientifique en</b>	<b>Finalité : problème à résoudre ou problématique</b>
<b>Génétique classique</b>	caractériser les lois qui régissent la transmission des caractéristiques biologiques entre les parents et leur descendance
<b>Génétique des populations</b>	Comprendre l'évolution du pool génétique d'une population
<b>Biologie moléculaire</b>	connaissance de la base physique de conservation et de transmission des caractères héréditaires
<b>Génie génétique</b>	ensemble de techniques permettant la manipulation des gènes  ouvre la voie aux questionnements portant sur le lien entre l'établissement d'un caractère et les gènes et leurs produits
<b>génomique</b>	aborder de manière globale un certain nombre de problèmes complexes dont on n'avait jusqu'à présent qu'une connaissance fragmentaire : séquences complètes des génomes, voies métaboliques, interaction de la cellule avec l'extérieur, mécanismes globaux de régulation et de contrôle
<b>Post-génomique</b>	

**Tableau 23** : Exemples de caractérisation de pratiques attribuées à des pratiques de recherche scientifique en génomique ou en post-génomique (cytomique, physiomique) en fonction de différents auteurs

Nom générique	référence	principaux objectifs
<b>Genomique</b>	<a href="http://www.univ-montp2.fr/index.php?categorie=4&amp;ficheid=31&amp;nivo0_id=3&amp;nivo1_id=5&amp;page=fiche&amp;type=9">http://www.univ-montp2.fr/index.php?categorie=4&amp;ficheid=31&amp;nivo0_id=3&amp;nivo1_id=5&amp;page=fiche&amp;type=9</a>	<p>Le terme de génomique a été introduit par Thomas H.Roderick en 1986 lors d'une discussion sur le nom d'un nouveau journal.</p> <p>Genomics, le journal, avait pour objet de publier les données de séquences, la découverte de nouveaux gènes, la cartographie génétiques et plus généralement les nouvelles techniques en génétique relatifs au génome pris dans son ensemble.</p>
<b>Génomique</b>	<p>Académie des sciences, 1999</p>	<p>la génomique vise d'une part « [...] la connaissance complète des génomes, tant en ce qui concerne le nombre et la position sur les chromosomes des gènes qui les constituent, que leur séquence chimique et les produits cellulaires (le plus souvent protéiques) qui résultent de leur fonctionnement » et d'autre part « [...] la connaissance des mécanismes régulateurs de ces gènes et l'étude de leur fonctionnement intégré dans la cellule et l'organisme. » (rapport commandé par l'Académie des sciences (1999)). Elle regroupe alors les approches structurales et fonctionnelles. La génomique visant la compréhension de la logique de l'organisation du génome et de son fonctionnement physiologique intégré, les auteurs de ce rapport justifient le rejet du terme de</p>

<p>post-génomique par le fait que l'achèvement du projet Génome humain n'a pas permis d'atteindre tous les objectifs de la génomique et que le temps n'est pas encore venu de passer à la post-génomique</p>		
<p>Ainsi pour Michel Morange (2001) ou Juan-Ramon Lacadena (2001) la génomique, étude des gènes, de leur organisation et de leurs séquences, se limite à l'approche structurale du génome.</p>	<p>Morange (2001) Lacadena (2001)</p>	
<p>Analyse moléculaire et physiologique complète du matériel héréditaire des organismes vivants. Objectifs sur le plan fondamental : déduire les fonctions des gènes et leurs interactions à partir de leurs séquences</p>	<p>Ministère de la recherche : Action concertée génomique</p>	<p>la génomique</p>
<p>Science qui étudie les génomes. La génomique est l'étude et l'analyse exhaustive et multidisciplinaire des génomes. Elle vise à dresser l'inventaire de l'ensemble des gènes d'un organisme à les localiser sur les chromosomes et à caractériser leur séquence ainsi qu'à étudier leur fonction. La génomique se compose de deux volets complémentaires. Le premier volet correspond à <b>l'analyse structurale (structure physique et organisation) du génome et du protéome</b> : elle s'appuie sur l'analyse des séquences (issue du séquençage) et sur les données de la génomique structurale. <b>Le second volet correspond à la génomique fonctionnelle (ou post-génomique)</b>, qui étudie la fonction des gènes, leur mode de régulation et leurs interactions. La génomique, dans son acception la plus large, englobe l'analyse de la structure physique du génome et du protéome (qui s'appuie sur l'analyse des séquences et les données de la génomique structurale) et la génomique fonctionnelle (ou post-génomique). <b>mots clés associés</b> : génomes, gènes, chromosomes, séquence, fonction, protéome, génomique</p>	<p>Site infobiogen</p>	<p>la génomique</p>

	fonctionnelle, génomique structurale, organismes modèles, analyse bioinformatique	
<b>Génomique structurale :</b>	<p><b>Description des génomes</b></p> <p><u>Cartographie génétique</u> (localisation le long des chromosomes de séquences connues (notamment les microsatellites))</p> <p><u>Cartographie physique</u></p> <p>constitution de banques génomique à partir de vecteurs contenant des fragments plus ou moins longs d'ADN (H, 2000)</p> <p><u>Séquençage systématique</u> : =&gt;traitement informatique des données <b>Biologie in silico</b>.</p> <p>A terme constitution de bases de données (publiques et gratuites ou privées avec abonnement) concernant :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- la séquence d'ADN</li> <li>- le rôle biologique de certaines régions du génome</li> </ul> <p><u>comparaison des génomes</u> :</p> <p>- éclairer l'évolution de l'espèce et l'histoire des communautés</p>	Houdebine & Tiollais, (2000)
<b>Projet</b>	Détermination systématique sur les produits des gènes de levure du répertoire des modes de repliement et de structuration de modules protéiques	JACQUET, M. (2001).
« <b>Génomique structurale</b> »	<b>(Campus d'Orsay)</b>	
<b>Génomique structurale</b>	Désigne l'étude du protéome (ensemble des protéines identifiées à partir des génomes) du point de vue de la structure tridimensionnelle : étude des familles structurales protéiques, des repliements structuraux et de la relation structure-fonction.	Site infobiogen
	mots clés associés : protéomes, protéines, génomes, génomique fonctionnelle, analyse	

			bioinformatique des séquences et prédiction de structures 2D et 3D/ génomique structurale
<b>Génomique comparée</b>	Billings & Koliopoulos (2001)		Comparaison de séquences d'espèces différentes
<b>Génomique fonctionnelle</b>	Hieter & Boguski (1997)		« The new era of functional genomics that is being entered as the mapping and sequencing (structural genomics) phase of the Human Genome Project draws to a close. Functional genomics involves the development of global experimental approaches for analyzing gene function by utilizing information and reagents provided by structural genomics. » « le développement et l'application des approches expérimentales globales (à l'échelle du génome ou de l'organisme) pour déterminer la fonction des gènes en utilisant l'information et les agents fournis par la génomique structurale »
<b>Génomique fonctionnelle</b>	Site infobiogen		<b>Génomique fonctionnelle (post-génomique)</b> Etude et analyse directe du transcriptome et du protéome : elle vise à déterminer la fonction des gènes à partir de leurs produits d'expression (ARN et protéines), ainsi qu'à étudier leur mode de régulation et leurs interactions. <b> mots clés associés :</b> transcriptome, protéome, gènes, ARN, protéines, génomique fonctionnelle, analyse bioinformatique des génomes
<b>Post-génomique Ou approches fonctionnelles</b>	Morange, 2001		Offrir une image globale du fonctionnement des êtres vivants, soit en étudiant l'expression simultanée de l'ensemble des gènes, soit en décrivant la totalité des interactions qui se forment entre les produits de ces gènes définit pour Morange (2001) les visées de la post-génomique, encore appelées génomique fonctionnelle, qui recouvre alors les approches fonctionnelles aussi bien du génome, que du transcriptome, ou encore du protéome, de l'interactome, ou du

		physiome, etc... Gros (2003) : post-génomique ou approches fonctionnelles
<p><b>Génomique fonctionnelle :</b></p>	<p>Houdebine &amp; Tiollais, (2000)</p>	<p><u>Identification de la fonction des gènes</u>  <u>L'étude de l'expression de gènes :</u>  Lien avec la <b>protéomique</b> (protéome = ensemble des protéines synthétisées par un organisme vivant)  Utilisation systématique de la <b>transgène</b> (évaluation des effets des gènes contenus dans différents fragments de chromosomes)  <u>La mutation systématique des gènes :</u>  Mutagènes chimiques et physiques  Introduction au hasard de transposons ou de plasmides</p>
<p><b>physiologique</b></p>	<p>Noble (2007)</p>	<p>décrire, comprendre les interactions du niveau protéique et comment elles contribuent à générer ce qui advient au niveau supérieur.  Le physiome est l'analyse quantitative des fonctions biologiques des cellules jusqu'aux organismes.  La prise en compte de la remontée de l'information est extrêmement complexe et nécessite des modélisations mathématiques des systèmes physiologiques  Enfin la détermination des fonctions dépend de propriétés physico-chimiques non codées pas les gènes. Ainsi avoir décodé le génome ne livre pas toutes les informations nécessaires</p>
<p><b>Biologie systémique</b></p>	<p>Noble (2007)</p>	<p>Le principe est que « [pour] chaque niveau de l'organisme, ses différents composants font partie d'un réseau intégré, d'un système. Chacun de ces systèmes a sa logique propre, et il est impossible de comprendre cette logique par la seule étude des propriétés des composants du</p>

		<p><i>système.</i> » (Noble, 2007, p.12)</p>
<p><b>cytomique</b></p>	<p>MOROT-GAUDRY, J.F. (2006) colloque d'Alembert.</p>	<p>= situer tous les composés du métabolisme sur une coupe d'organe de plante dont on détermine l'expression du gène in situ</p>
<p><b>Génomique appliquée</b></p>	<p>Houdebine &amp; Tiollais, (2000)</p>	<p><u>La sélection génétique et le diagnostic génétique :</u> Possibilité d'établir des corrélations entre la longueur d'un microsatellite dans un site chromosomal et un caractère biologique bien défini (ex : hyperprolificité) Intérêt = utilisation d'une petite quantité d'ADN à n'importe quel moment de la vie des organismes (=/ taux de reproduction) Idem : possibilité de l'établissement de corrélation entre la prédisposition à une maladie génétique et la présence de microsatellites. <u>L'établissement des filiations et de l'identité de l'individu :</u> Microsatellites héréditaires et polymorphes <u>L'identification des gènes responsables d'un caractère génétique :</u></p>
<p><b>bioinformatique</b></p>	<p>M.A. Andrade et C. Sander</p>	<p>Une définition possible est de partir de celle qu'en donnent "<i>Bioinformatics is a science of recent creation that uses biological data, completed by computational methods, to derive new biological knowledge</i>".</p>

<b>Bio-informatique</b>	<b>Académie des sciences (1999)</b>	Etre capable à partir de la séquence nucléotidique de prédire la structure tridimensionnelle des produits du gène et notamment des protéines afin d'avoir accès à leur fonction (s'inscrit dans la génomique structurale)
<b>Bio- informatique</b>	<b>Chaire de bio informatique (CNAM) Site du CNAM</b>	<p>Le monde de la recherche en bioinformatique est en plein redécoupage avec schématiquement 3 types de bioinformaticiens</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. des biomathématiciens qui essaient de développer des modèles de traitement des données complexes qui prennent en compte tous les aspects de la connaissance du vivant allant de données expérimentales (par exemple génomiques avec expression génique au niveau des puces à ADN ou protéomiques avec interactions protéines-protéines etc...) aux données théoriques comme les modèles d'évolution par coalescence</li> <li>2. des bioinformaticiens développeurs d'outils de gestion ou d'exploitation des banques de données déjà existantes pour explorer des questions plus ciblées de la biologie</li> <li>3. des bioinformaticiens développeurs d'applications spécifiques répondant à des problèmes de biotechnologie précis, ayant pour ambition des applications -pharmaceutiques ou agroalimentaires- immédiates.</li> </ol>

**Tableau 24** : Nombre de citations (de leur première citation jusqu'en 2001) de différents objets de la génomique et de la post-génomique dans « Google » et dans « Pub Med » (archives numérique du National Institutes of Health (NIH) (Etats-Unis) des revues biomédicales et de sciences de la vie) (tableau élaboré d'après Herrmann Carl, 2006)

Objet d'étude	Nombre de citations sur		Année de la première citation sur Pub-Med	Exemple de définition
	Google	Pub-Med		
génomome	1880000	562938	1932	l'ensemble du matériel génétique d'un individu ou d'une espèce
Protéome	63000	7262	1995	Est l'ensemble des protéines exprimées par le génome d'une espèce donnée
transcriptome	3520	2118	1997	l'ensemble des ARNm transcrits à partir d'un génome
métabolome	349	219	1998	l'ensemble des produits du métabolisme issus de l'activité cellulaire.
interactome	56	130	1999	se définit <b>comme l'ensemble des interactions moléculaires</b> au sein des cellules.
phenome	4980	65	1995	Est l'ensemble de tous les phénotypes exprimés aux niveaux cellulaires, tissulaires, organique, de l'organisme et de l'espèce. Il inclut les caractères phénotypiques dus aussi bien aux influences génétiques qu'environnementales
physiome	2980	44	1997	<b>description quantitative globale de la dynamique physiologique</b> d'un organisme en état de fonctionnement qui s'appuie sur les informations provenant de l'étude par

				exemple du génome, du transcriptome et du protéome
morphome	238	2	1996	Est l'ensemble de tous les phénotypes morphologiques uniquement

**Tableau 25** : Principales techniques (ressources matérielles) employées pour les approches structurales et fonctionnelles

Sources :

Auffray (1996), Bernot (2000), Jacquet (2001), Gros (2003), Rossier (2003);

Site infobiogen, ;

**Site de l'université de Jussieu : sur les méthodes de séquençage**

[http://www.snv.jussieu.fr/vie/dossiers/genomes/methodes\\_carte.htm](http://www.snv.jussieu.fr/vie/dossiers/genomes/methodes_carte.htm)

<b>Techniques employées pour les approches structurales</b>	<p>Techniques de séquençage de génomes complets :</p> <p>1- le <b>balisage</b> par l'établissement de <b>cartes de liaison</b> (localisent des zones du génome, appelées <b>marqueurs</b>, qui se caractérisent par leur polymorphisme) et de <b>cartes physiques</b> (elles aboutissent à la construction de <b>banque de fragments d'ADN</b> représentatifs de l'ensemble du génome et ordonnés les uns par rapport aux autres notamment grâce aux informations des cartes de liaison)</p> <p>2- le <b>séquençage du génome</b> qui aboutit à la connaissance de la succession des bases nucléotidiques, les résultats sont consignés dans des <b>bases de données</b>, le plus souvent ouvertes et accessibles en ligne</p> <p>3- le repérage sur le génome des <b>gènes</b> et la détermination de leur <b>fonction</b> par une <b>analyse informatique de la base de données</b></p>
<b>Techniques employées pour les approches fonctionnelles</b>	<p>Deux techniques principales permettent l'étude du transcriptome : la constitution de banques d'ADNc (dans les banques EST (expressed sequence target) constituent pour chaque gène une signature qui permet sont identification</p>

	<p>univoque) et les puces à ADN, (technique d'hybridation haut débit rend possible l'appréhension qualitative et quantitative globale des ARNm présents dans un échantillon biologique.</p> <p><u>étude du protéome</u> : identifier et quantifier les protéines exprimées dans un environnement donné par électrophorèse ou spectrométrie de masse</p>
<p><b>Le rôle de la bio-informatique</b> <b>Méthodes dites « in silico »</b></p>	<p><b>Dans les approches structurales :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- constitution de <b>bases de données</b> comprenant la succession des bases nucléotidiques des génomes</li> <li>- analyse informatique de ces bases de données pour localiser les gènes, déterminer leur fonction (par comparaison/ annotation)</li> </ul> <p>d'attribuer des caractéristiques structurales et fonctionnelles à des protéines inconnues ;</p> <p>de prédire à partir de la séquence linéaire présente dans le génome, la conformation tridimensionnelle et donc la fonction des protéines</p> <p>de repérer et d'exploiter des informations concernant l'étude structurale et fonctionnelle du génome et du protéome noyées et dispersées dans la multitude des bases de données recensées ou dans les publications scientifiques</p> <p><b>Dans les approches fonctionnelles :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- <u>Etude du transcriptome</u> : les résultats obtenus par les puces à ADN nécessite une analyse informatique lourde</li> </ul> <p>puces à ADN = mariage de la génétique moléculaire et microélectronique permet étude du polymorphisme génétique et variations d'expression des gènes</p> <p>miniaturisation des expériences d'hybridation (génétique moléculaire) et de la possibilité de déposer sur un support</p>

(lamelle microscopique) plusieurs milliers de fragments d'ADN correspondant chacun à la séquence connue de l'ensemble des gènes d'un organisme

- Etude du protéome :

Extraction des protéines d'un tissu

Séparation par **électrophorèse en gel à deux dimensions** (charge/masse)

Identification par **spectrométrie de masse**

Une **analyse informatique** permet une comparaison des données obtenues par spectrométrie de masse avec les informations contenues dans des bases de données relatives aux séquences protéiques afin de les identifier.

- Etude de l'interactome, du physiome :  
constitution de **bases de données** ;  
il s'agit ensuite à partir de bases de données obtenues aux différents niveaux d'organisation, **de modéliser** les interactions des protéines (interactome), le fonctionnement d'un organe, d'une organisme (physiome)

Etude des interactions protéiques :

méthode du double hybride

- réalisation de cartes d'interaction afin formaliser les interactions régulatrices ou métabolique, de découvrir de nouveaux modes de régulation, de prédire le résultat de perturbations (recours aux mathématiques (code graphique rigoureux, équations logiques, graphes d'interactions...) et langage XOL (développé pour formaliser les connaissances relatives aux molécules et à leurs interactions) ;
- Des cartographies des interactions protéiques sont réalisées grâce à la technique du double hybride

**Document 11** : Exemples de recherches menées en génomique ou en post-génomique : finalités, objets d'étude, organisation de la recherche

**Document 11.a** : Exemple du Génopole de Strasbourg, une véritable «clinique de la souris» : Etude de l'impact d'une mutation sur tout l'organisme (souris)

*« Son ambition? Etudier l'animal dans sa globalité. Un mutant est généralement créé pour une affection particulière. Or une mutation qui induit un dérèglement au niveau du cœur a-t-elle des répercussions sur un autre tissu (foie, muscle, pancréas, prostate, etc.) ou sur le cerveau? Bref, pour caractériser le phénotype d'une souris transgénique, il est impératif de «l'examiner sous toutes les coutures». » (Site internet)*

## **Document 11.b** Génopole de Toulouse

<http://www2.toulouse.inra.fr/centre/centre/genomeanimaux.htm>

### **Génome et Biotechnologie**

---



Biologie  
moléculaire

La mise au point, au cours des années 90, d'outils d'analyse fine et directe du génome est à l'origine de l'essor de la génomique, discipline nouvelle dont l'objet est l'étude globale de l'organisation et du fonctionnement de l'ensemble des gènes d'un organisme.

L'expérience et le potentiel réunis au sein des équipes toulousaines a permis à Toulouse de figurer parmi les premiers sites retenus pour constituer le réseau français des [Génopoles](#).

La création de cette Génopole toulousaine a fourni à différentes équipes la possibilité de se regrouper pour développer des moyens techniques de biologie moléculaire à haut débit et de bioinformatique nécessaires aux approches génomiques. Les travaux concernent des génomes d'animaux, de végétaux, de micro-organismes, et le génome humain. Les équipes de l'INRA sont concernées par les trois premiers de ces quatre domaines

### **Génomes animaux**

---



Biologie  
moléculaire

Les études portent sur des caractéristiques des animaux ou des produits de l'élevage, principalement chez le porc et le poulet, mais également chez le mouton. Un premier objectif concerne l'identification des gènes affectant des caractères précis tels que la qualité de la viande chez le porc, la taille de la portée chez la brebis ou l'engraissement chez le poulet. Un deuxième objectif concerne

nombreuses données humaines grâce aux travaux de cartographie comparée qui permettent, dans de nombreux cas, de formuler des hypothèses sur la base de la transposition des données de cartographie de l'homme à l'animal.

L'approche fonctionnelle est abordée principalement à travers l'analyse de l'expression des gènes pour en préciser les conditions. L'un des thèmes développés utilisant cette

l'étude plus générale, systématique, du génome, en termes d'organisation et de fonction. Ces deux objectifs mettent en œuvre des approches génétiques et fonctionnelles.

L'approche génétique est basée sur la cartographie génétique et cytogénétique (chez le porc et le poulet), c'est-à-dire l'identification de la position des gènes dans le génome. Cette approche utilise les outils de la biologie moléculaire pour analyser soit la transmission héréditaires de gènes dans des familles d'animaux (carte génétique) ou soit la localisation des séquences d'ADN sur les chromosomes en combinant ces outils avec ceux de la biologie cellulaire (carte physique et cytogénétique). Cette approche bénéficie également des

approche est l'étude de la régulation de l'expression des gènes au cours du développement du follicule ovarien chez la truie. Cette approche bénéficie des outils de la génomique que sont les réseaux d'ADNc ou « puces à ADN » qui permettent d'analyser simultanément l'expression de plusieurs milliers de gènes et donc d'analyser plus finement le fonctionnement cellulaire.

Enfin, le stockage, la gestion et l'analyse de ces données de plus en plus abondantes nécessitent la mise en place et l'utilisation d'outils mathématiques et informatiques. Des développements spécifiques, en particulier dans le domaine de la cartographie comparée, sont également réalisés

## Génome des végétaux

L'étude des interactions entre plantes et bactéries constitue un premier axe de recherche. Des travaux visent à identifier et caractériser les gènes impliqués dans les mécanismes de défense des plantes contre les attaques de bactéries pathogènes. Le matériel biologique utilisé pour ces études associe la plante modèle *Arabidopsis thaliana* et les bactéries pathogènes *Xanthomonas campestris* et *Ralstonia*

Or ces engrais participent à l'effet de serre et à la pollution des eaux par les nitrates. Les études ont pour but d'analyser les gènes et de comprendre les mécanismes moléculaires qui permettent à la plante d'établir cette interaction symbiotique.

Différents outils bioinformatiques sont développés afin de permettre l'analyse du grand nombre de données générées par les approches de génomique.

*solanacearum*.

Une autre plante modèle, *Medicago truncatula*, est utilisée pour l'étude de l'interaction symbiotique existant entre les plantes de la famille des Légumineuses et des bactéries du sol, les rhizobium. En transformant l'azote atmosphérique en ammoniac, cette symbiose assure la nutrition azotée de la plante sans qu'il soit nécessaire de recourir à l'utilisation d'engrais.

### Génome de micro-organismes

Les études portent sur différents micro-organismes susceptibles d'interagir avec des organismes végétaux ou animaux :

Une première thématique de recherche concerne des bactéries pathogènes des plantes (*Ralstonia solanacearum*, agent du flétrissement des Solanacées), ou au contraire susceptibles d'établir des symbioses bénéfiques avec certaines espèces végétales (*Sinorhizobium meliloti*, bactérie capable d'établir une symbiose fixatrice d'azote avec la luzerne). Les génomes de ces bactéries ont été entièrement séquencés dans le but d'analyser l'ensemble des gènes impliqués dans la reconnaissance spécifique de

Un second axe de recherche porte sur l'analyse du mode d'action d'une hormone végétale, l'éthylène, qui joue un rôle central dans la maturation et la conservation des fruits. Ces études sont réalisées chez le melon, la tomate, ainsi que chez la plante modèle *Arabidopsis thaliana*

la plante-hôte, le pouvoir pathogène ou les propriétés symbiotiques. La biodiversité naturelle de ces espèces bactériennes est également étudiée.

Un second axe de recherche concerne les pathologies infectieuses causées par certains agents bactériens ou viraux chez des animaux domestiques comme le lapin, et les risques que présentent éventuellement ces agents pour la santé publique. Ces études font appel à des méthodes de pathologie expérimentale, de biologie moléculaire (analyse des gènes de pathogénicité), de microbiologie cellulaire (signalisation induite dans les cellules-cibles) et de vaccinologie

## **Document 11.c : Le Génopole d'Evry**

La Génopole d'Evry-Ile de France marque la volonté de la France de prendre une place de premier plan dans la compétition internationale pour la connaissance des génomes et de leurs fonctions en associant étroitement trois activités de haut niveau :

- un campus de recherche de référence ;
- un enseignement universitaire nouveau, assuré à l'Université d'Evry - Val d'Essonne, axé sur la génétique, la génomique et sur leurs domaines connexes (instrumentation scientifique, nanotechnologie, robotique, bio-informatique...);
- un pôle de création d'entreprises "high tech" pour faciliter l'émergence de nouvelles sociétés, dites "start-up".

## **Document 11.d : le réseau de Génopoles**

### **Génomique végétale : GENOPLANTE : programme fédérateur de génomique végétale (R2IT)**

L'objectif de Génoplante est d'analyser les génomes des quatre espèces phares de l'agriculture européenne : le maïs, le blé, le colza et le pois protéagineux. Ces travaux produiront une nouvelle génération de connaissances sur l'organisation et le fonctionnement génétique des plantes et constitueront une source d'innovations majeures pour l'agriculture et ses débouchés : de nouvelles semences de qualité sont en effet attendues d'un tel programme, répondant mieux aux attentes des consommateurs et des agriculteurs du point de vue de la nutrition, de la sécurité alimentaire et de l'environnement.

### **Les OGMs**

Parallèlement au réseau GENOPLANTE et dans le but de renforcer les études sur l'identification, l'évaluation et la gestion des risques éventuels induits par les OGM (organismes génétiquement modifiés), un appel à propositions a été lancé en 1999/2000. Sur une cinquantaine de propositions, **17 projets ont été retenus** pour un montant de 9,35MF financés sur le FNS. Les projets retenus sont particulièrement axés sur les plantes

transgéniques utilisées en agriculture et leurs impacts éventuels sur l'environnement (en incluant sous ce terme les agro-systèmes).

### **Génomique humaine , Genhomme : programme fédérateur de génomique humaine et post-génome**

Mis en place au mois de juin 2000, le réseau de recherche et d'innovation technologique GenHomme a pour objectif de valoriser les connaissances dans le domaine de la génomique du génome humain et de favoriser la création de sociétés émergentes de biotechnologies. Ce réseau a pour particularité d'associer le secteur académique, le secteur privé et le secteur caritatif. Ce réseau est financé par le ministère de la recherche et le ministère de l'industrie.

Complétant le réseau GenHomme, deux types d'actions ont été mises en place :

- un appel d'offres vers des partenariats industriels (PMI-PME) et des laboratoires académiques, dans le domaine de la santé pilotés par la Direction de la Technologie;
- une action concertée incitative ayant pour objectif d'aider la communauté académique dans des domaines stratégiques demandant des investissements importants, en particulier dans l'analyse fonctionnelle à grande échelle des gènes.

**Document 11.e** : Extrait du Programme génomique du Ministère de la recherche

**<http://www.recherche.gouv.fr/recherche/aci/genob.htm>**: Action concertée incitative : programme génomique (page consulté le 18/07/2008)

**Génoscope** : Sa mission est de produire de grands volumes de données de séquences de haute qualité sur les génomes de divers organismes (microbes, plantes, animaux, humain) présentant un intérêt scientifique, médical ou économique. Son activité se répartit entre des projets propres et des projets extérieurs, en collaboration avec les laboratoires du secteur public, ou sous contrat, avec le secteur privé.

### **Le Centre National de Génotypage (CNG)**

Le génotypage consiste à caractériser dans l'ADN la variation génétique entre individus et à établir une corrélation entre ces variations et certaines maladies (diabète, maladies cardiovasculaires, etc) ou d'autres caractéristiques de nature diverse (réponse aux médicaments, par exemple).

L'objectif du CNG est de répondre aux besoins de la communauté scientifique et médicale pour déterminer les gènes prédisposant aux maladies génétiques, notamment aux maladies polygéniques, de loin les plus fréquentes (obésité, hypertension, asthme...).

**Document 11.f : Infobiogen (centre de ressources fermé le 15 juillet 2006) et la bio-informatique génomique**

La mise en œuvre d'une puissante informatique de recherche et de service est un aspect fondamental de la génomique, conséquence de l'arrivée soudaine et massive des séquences de génomes d'organismes très divers. Le Centre de ressources Infobiogen est un pôle national pour l'informatique dédié à la génomique, la génétique et la biologie moléculaire. Il a pour vocation d'accélérer la recherche coopérative, en offrant des outils informatiques et en développant de nouveaux services disponibles, à travers le réseau de recherche RENATER II.

**Tableau 26** : Exemples de résultats des pratiques de recherche en génomique

Exemple de savoirs, de méthodes issues de pratiques de recherche en génomique

résultat		référence
Premiers résultats de la génomique	1995 : déchiffrement de séquences entières des génomes d'organismes simples telles la bactérie (plus de cinquante espèces), suivis d'organismes plus complexes la levure ( <i>Saccharomyces cerevisiae</i> , 1996), le nématode ( <i>Caenorhabditis thaliana</i> , 1998) , la drosophile (2000), <i>Arabidopsis thaliana</i> (2000)	
Séquençage complet du génome humain	<p>Juin 2001 : première version correspondant à 90% du génome humain publiée par Craig Venter (firme privé Celera) et Francis Collins (NIH)</p> <p>-Fournit les informations nécessaire pour produire un protéome (ensemble des protéines du corps humain) d'au moins 100 000 protéines (IHGSC, 2001)</p> <p>-N'est pas une « matrice » de la vie humaine, mais plutôt une série d'instructions pour produire un ensemble de protéines simples qui, combiné à d'autres informations non productrices de protéines, fournit l'arrière plan et le mode d'emploi indispensables au développement et au fonctionnement normaux du corps humain.</p> <p>Nombre de protéines et les interactions complexes qui déterminent les fonctions biologiques ne sont pas simplement codées dans l'ADN : la quantité et les activités des protéines sont influencées par des facteurs comprenant d'autres protéines, les substances pharmaceutiques, la nutrition et la température, ainsi que par les éléments</p>	<p>Identification de nouveaux gènes : la méthode évolutionnaire :</p> <p><a href="http://cirs.fr/breve.php?id=85">http://cirs.fr/breve.php?id=85</a></p> <p>7</p> <p>Qu'est-ce que le génome humain (Billings &amp; Koliopoulos (2001)</p>

	<p>régulateurs du génome lui-même.</p> <p>-1% de l'ADN humain code directement de l'information nécessaire pour la production des protéines via l'ARN (Venter et al, 01, IHGSC, 2001)</p> <p>-99% de l'ADN soit n'a pas de fonction connue, soit est impliqué dans la régulation de l'activité de l'ADN codificateur</p> <p>-dans les régions non codantes (ADN en vrac) certaines séquences seraient susceptibles de se recombiner et de se déplacer dans tout le génome (en réaction à des facteurs de stress de nature cellulaire ou environnementale)</p> <p>2003 : Ordre des 3 milliards de base est connu. Mais il reste à identifier la localisation des sections qui codent pour des protéines ou qui sont impliquées dans des régulations</p>	
<p>Découverte de 300 nouveaux gènes humains et des extensions à plusieurs centaines de gènes connus</p>	<p>Comparaison par superordinateurs de portions du génome humain avec celles d'autres mammifères</p> <p>La découverte est basée sur l'idée lors de l'évolution, les sections de l'information génétique importante pour l'organisme changent de manière différente</p> <p>La méthode est particulièrement adaptée pour trouver des gènes exprimés que dans certains tissus ou à des stades précoces du développement embryonnaire et que les méthodes classiques « oublient »</p>	<p>Université de Cornell (Etats-Unis) : Identification de nouveaux gènes : la méthode évolutionnaire (<a href="http://cirs.fr/breve.php?id=857">http://cirs.fr/breve.php?id=857</a>)</p>
<p>Prédiction de la structure des ARN</p>	<p>Développement d'outils bio-informatiques capables de prédire la structure tridimensionnelle d'une molécule d'ARN à partir de la séquence de ses constituants</p>	<p><a href="http://www.techno-science.net/?onglet=news&amp;news=5159">http://www.techno-science.net/?onglet=news&amp;news=5159</a>)</p>

**Tableau 27** : Exemple de travaux antérieurs à la post-génomique et ayant contribué à faire émerger la nouvelle vision

exemple	interprétation	référence
<p>Les travaux sur le comportement de la drosophile (années 60-70)</p>	<p>Le principe du travail réalisé était le suivant : on cherchait des mutations qui perturbaient le comportement puis l'on caractérisait la nature et la structure des gènes impliqués.</p> <p>Ce que ces travaux ont montré est qu'il existe des gènes, dont les produits sont nécessaires au comportement (motricité, olfaction), dont la mutation perturbe le comportement, mais qu'il n'existe pas de gènes dont la fonction aurait été d'être responsable d'une partie du comportement ou de tout le comportement.</p>	<p><b>MORANGE</b> (à paraître).</p>
<p>Travaux sur les mutations affectant les processus de mémorisation de la drosophile (années 60-70)</p>	<p>La conclusion de ces travaux était donc que probablement, il y avait des événements de type phosphorylation<sup>1</sup> impliqués dans les processus d'apprentissage et de mémorisation. Ces travaux, par contre, n'apprenaient finalement rien sur la spécificité des processus de mémorisation. »</p>	
<p><b>Travaux sur la caractérisation des gènes qui contrôlent le rythme</b></p>	<p>A l'heure actuelle, les biologistes proposent, des schémas où le rythme est engendré par une sorte de boucle de régulation impliquant plusieurs gènes.</p>	

<sup>1</sup> conséquences de l'activation par l'AMPcyclique de protéines kinases.

<p><b>circadien de la drosophile</b> <b>Années 60-70</b></p>	<p>Ce qui est important dans ces processus, je crois, c'est qu'aucun gène n'est en lui-même responsable du rythme. <b>Le rythme est engendré par un fonctionnement coordonné du système.</b> L'analyse des génomes d'organismes –modèles a montré que l'ADN des génomes séquencés présentait 3 propriétés : la pléiotropie, la redondance et la complexité. (Atlan, 1999)</p>	
<p>qu'un même gène possède des fonctions différentes dans différentes organismes et à différents stades de développement est appelé pléiotropie</p>	<p>Un exemple est celui du gène BRCA-1 dont certaines mutations chez l'homme prédisposent au cancer du sein et qui entraîne des anomalies de développement chez la souris.</p>	<p>Atlan, 1999</p>
<p>Impact de l'inactivation d'un gène de la division cellulaire sur le comportement d'une femelle : Pose la question de la fonction d'un gène ?</p>	<p>Exemple de l'impact de l'inactivation d'un gène de la division cellulaire sur le comportement d'une femelle souris vis-à-vis de ses souriceaux : l'inactivation de ce gène est associée à une modification de comportement de la mère qui ne s'occupe plus de ses petits. Gène de l'instinct maternel ? ce gène s'exprime dans l'hypothalamus zone responsable de la mise en place des comportements. Son inactivation a pu entraîner une malformation de l'hypothalamus ou empêcher d'acquérir ses compétences fonctionnelles. L'absence d'instinct maternel peut donc s'expliquer par le mauvais fonctionnement des structures cérébrales. Si le gène perturbe le comportement, il n'est pas celui de ce comportement.</p>	<p><b>Morange (2002)</b></p>

<sup>2</sup> MORANGE, M. (2002). Histoire de la génétique. Conférence prononcée lors des journées nationales de SVT des 5 et 6 mars 2002. ??

	Si les gènes fonctionnent en réseau, il est par ailleurs difficile d'identifier l'origine d'une perturbation. Inversement, en cas de mutation, d'ajout ou d'inactivation d'un gène il est difficile de prévoir els conséquences d'où le caractère périlleux pour Micchel Morange de vouloir modifier un gène humain. <sup>2</sup>	
Stabilité/ réplication ADN dépend d'un ensemble de système moléculaire	<p><b>le rôle du gène dans le maintien d'une reproduction fidèle des caractères de génération en génération (et la mise en œuvre de la variabilité dont dépend l'évolution (stabilité et variabilité génétique))</b></p> <p>la stabilité de l'organisation biologique au fil des générations ne réside pas dans la structure moléculaire des gènes. En effet , la stabilité du génome par réplication n'est pas une propriété spécifique de l'ADN mais n'est possible que grâce à un ensemble de systèmes moléculaires : ADN polymérase, protéines impliquées dans la prévention et la réparation des erreurs de copie, des ruptures spontanées etc.. La réplication est donc dépendante d'un ensemble de systèmes de contrôle de correction et de réparation impliquant la dynamique cellulaire dans le maintien de la stabilité</p>	Fox Keller (2003)
Gènes régulateurs Epissage, édition	<p>Les études sur les modalités de l'expression des gènes ont contribué à complexifier ce schéma.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- l'expression des gènes est sous le contrôle d'autres gènes dits régulateurs, de séquences promotrices, terminateurs... ces séquences sont souvent éloignées du gène : où situer le début et la fin d'un gène</li> </ul>	Fox Keller (2003)

	<ul style="list-style-type: none"> <li>- l'épissage et l'édition du message : la mise en évidence des gènes mosaïque chez les eucarotes montre qu'il n'y a pas de correspondance stricte entre la séquence du gène et celle des protéines, un même gène par épissage alternatif peut même coder pour plusieurs protéines. Le choix de la lecture du transcrit primaire est régulé en fonction de l'état et du type de la cellule</li> <li>- en plus de l'épissage alternatif, des transcrits épissés peuvent être modifiés par insertion de bases exogènes ou remplacement d'une base par une autre.</li> </ul> <p>Il vient qu'un même gène peut être utilisé pour fabriquer plusieurs protéines différentes. Le choix s'inscrit dans la dynamique régulatrice de la cellule et ne revient pas au gène seul</p>	
Gène/structure	L'identification de gènes en morceaux, répétés, qui se chevauchent, cryptique, transcription anti-sens, gènes emboîtés, promoteurs multiples, rend tout définition du gène comme unité structurale difficile.	Fox Keller (2003)
Protéine Séquence primaire et 3D	en outre la connaissance de la détermination de la séquence d'aa d'une protéine ne suffit pas à déterminer la fonction du gène qui la code. En effet une même protéine peut fonctionner de différentes manières en fonction du contexte , elle est elle-même soumise à une régulation cellulaire. Ainsi une protéine correspond à plusieurs fonctions	Fox Keller (2003)
Mise au point des techniques	-passer du caractère au gène :le clonage positionnel (années 1980) se développe	MORANGE (2002).

permettant de passer d'un caractère aux gènes qui participent à sa réalisation	grâce à la mise au point des cartes physiques des chromomes : -passer du gène au caractère :la technologie du KO (Knock out) (fin des années 1980) : il s'agit d'inactiver un gène et observer les conséquences sur l'organisme	
<b>Transgénèse et knock out</b>  <b>OGM maïs Bt</b>	La croyance qui consiste à considérer que les caractères sont "contenus" dans les gènes ou au moins que les gènes dirigent l'établissement d'un caractère est particulièrement manifeste dans les pratiques de transgénèse (ajout d'un gène) ou de knock-out (élimination ou inactivation d'un gène). En effet, d'après Stewart, l'attente naïve qui sous-tend ces expériences est qu'en ajoutant ou en enlevant un gène, on ajoute ou enlève le caractère correspondant. Dans la majorité des cas, le résultat obtenu n'est pas celui attendu. Par exemple nombre de souris knock out en présentent aucune différence au niveau phénotypique. L'explication réside pour Stewart dans le fait que les caractères sont élaborés par l'organisme qui possède une organisation redondante. Le transfert d'un caractère par le transfert d'un gène est en fait un cas exceptionnel. C'est par exemple le cas du gène de résistance Bt qui transféré au maïs lui confère une résistance aux insectes parasites. Il est à noter que pour que le caractère soit transmis, il faut que l'organisme recevoir synthétise la protéine dans un organe mangé par des insectes parasites, sans quoi cette protéine n'a aucune valeur de résistance.	<b>Stewart, 2004, p.139</b>
Redondance structurale et fonctionnelle	A l'existence d'ADN répétitifs pour la plupart non codants dans les années 70, s'est ajouté la répétition de gènes codants, de fractions de génomes, voire de génomes entiers (le génome des mammifères résulterait de la duplication avec	Atlan, 1999 p.21

	<p>variations d'un génome de base proche de celui de la mouche ou du vers). A la redondance structurale s'ajoute une redondance fonctionnelle. Les travaux d'inactivation d'un gène codant pour une protéine qui joue un rôle essentiel dans une fonction ou une voie métabolique, peut ne pas entraîner de perturbation. Ce type de phénomène est particulièrement vrai pour les protéines impliquées dans la transduction des signaux. Il est expliqué par un phénomène de compensation par l'activation d'autres gènes ou de phénomènes épigénétiques.</p>	
<p>Transmission de boucles de rétroactions positives</p>	<p>réaction auto-catalytique d'une protéine produisant un changement d'état, comme la phosphorylation, la modification de la structure tridimensionnelle, ou une quelconque des caractéristiques dont dépend l'activité d'une protéine ;</p> <p>boucle de rétroaction positive incluant les produits d'un ou plusieurs gènes, dont dépend l'état d'activité de l'un des gènes et une autre région du génome qui contrôle leur(s) expression: figure montrant fonctionnement dans un cas simple</p>	<p>Atlan, 1999, p.42</p>
<p>Les prions Transmission d'informations non contenues dans l'ADN = PRION</p>	<p>Responsables de maladies humaines comme la maladie de Creutzfeldt-Jakob, de la maladie de la vache folle pour lesquels existerait une mémoire des formes protéiques distincte de la mémoire génétique</p> <p>exemples d'hérédité épigénétique déterminée par des structures tridimensionnelles de protéines, non réductibles à une structure d'ADN ou d'ARN</p>	<p>MORANGE (2004a).  Atlan (1999)</p>
<p>Les phénomènes épigénétiques</p>	<p>Interviennent dans le contrôle de l'activité des gènes, ils résultent de</p>	<p>MORANGE</p>

	<p>modifications réversibles de l'ADN ou des protéines qui l'entourent et forment la chromatine ; ces modifications n'affectent pas l'ADN et dépendent de l'environnement</p>	<p>(2004a).</p>
<p>L'épigénèse :  Transmission de modifications structurales de l'ADN ou des chromosomes</p>	<p>Un même génome peut présenter en fonction du contexte des états d'activité différents susceptibles d'évoluer au cours du temps. Les mécanismes qui déterminent l'état d'activité différentielle d'un génome sont appelés mécanismes épigénétiques. Lorsqu'une cellule déjà différenciée se divise, les cellules produites sont en général également différenciées.</p> <p>Ainsi, lors d'une division cellulaire sont transmis non seulement la structure des gènes mais également leur état d'activité. Cette transmission de l'état d'activité est désigné sous le nom d'héritabilité épigénétique .</p> <p>L'héritabilité épigénétique a été mise en évidence aussi bien pour les cellules somatiques que pour les cellules germinales pour lesquelles certains chercheurs parlent d' « épimutations » car les effets de la transmission d'états d'activités du génome ont tous les effets d'une mutation sans en être une puisque la séquence nucléotidique est inchangée. Font partis de ces épimutations :</p> <p>Transmission de modifications structurales de l'ADN ou des chromosomes :</p> <p>la transmission d'un état de méthylation de l'ADN : la fixation des groupements méthyles -CH<sub>3</sub> sur certains sites de l'ADN d'un gène peuvent faciliter ou</p>	<p><b>Atlas</b> L'épigénétique (Brochure publiée par le réseau d'excellence Epigenome, 2006</p>

	<p>empêcher l'expression de ce gène. Lors de la division cellulaire, la transmission de l'état de méthylation dépend de la concentration de l'enzyme catalysant la méthylation, la méthylase, dans les deux cellules filles. Il faut donc pour qu'un état de méthylation soit transmis que soit transmis l'ADN mais aussi la méthylase à une concentration suffisante pour le maintien de cet état.</p> <p>La transmission de l'acétylation des histones, ou plus généralement des modifications de l'architecture de la chromatine où sont intégrées des séquences d'ADN et qui jouent un rôle dans la régulation de l'expression génétique</p> <p>« L'empreinte génomique » qui est un état d'activité ou d'inactivité de certains gènes en fonction de leur origine paternelle ou maternelle et qui est transmis lors de la gamétogénèse, puis de la fécondation</p> <p>Parmi les facteurs épigénétiques qui permettent une interprétation différente d'un même ensemble de données, celles contenues dans l'ADN, se trouvent l'organisation spatiale (enroulement de l'ADN autour de protéines nommées histones) et l'étiquetage biochimique (méthylation).</p> <p>Les trois principaux acteurs de l'activation ou inhibition des gènes sont les ARN, le nucléosome et la méthylation de l'ADN.</p> <p>Il a été montré que des facteurs épigénétiques contrôlent l'expression ou</p>	
--	--	--

	<p>l'inhibition des gènes, que ces facteurs constituent un moyen de réagir à l'évolution des conditions environnementales (changement structuraux de la chromatine en fonction de la saison chez le cresson), voire peuvent permettre à l'environnement d'avoir des effets sur les générations futures (impact du régime alimentaire de la mère sur la méthylation du gène agouti de l'embryon).</p> <p>Transmission d'informations non contenues dans l'ADN = PRION</p>	
<p>Les gènes du développement</p>	<p>Sont majoritairement des gènes impliqués dans les voies de signalisation, c'est-à-dire des gènes codant pour des produits qui vont soit être secrétés, soit codant pour des récepteurs de signaux, soit codant pour des composants des voies de signalisation. Dans ce contexte, le développement apparaît plus comme le résultat d'une signalisation intercellulaire que comme un processus codé au niveau du génome dans des gènes qui contrôleraient pas à pas le développement.</p>	<p><b>MORANGE, M. (à paraître).</b></p>
<p>Les gènes du développement</p>	<p>Interprétation cadre tout génétique : gènes maîtres qui commandent un réseau ou une cascade d'autres gènes et qu'il suffirait de connaître pour comprendre le développement embryonnaire</p> <p>Interprétation actuelle : leur activité dépend de leur environnement cellulaire (1)</p> <p>Ex : chez la drosophile l'expression des gènes dépend de l'établissement d'un gradient protéique</p> <p>Guy Rumelhard citant Le Douarin Nicole (2000) Des chimères, des clones et des</p>	

	gènes. Paris : Odile Jacob Gehring Walter (1999) La drosophile aux yeux rouges. Gène et développement. Paris : Odile Jacob.	
Maladie génétiques	Indépendantes du milieu	
Influence de notre mode de vie et de notre environnement sur le génome	Sur deux jumeaux homozygotes, des expériences différentes au stade embryonnaire ou de l'enfance, génèrent via des phénomènes épigénétique (changements chimiques de l'ADN qui activent ou désactivent les gènes) des variations dans l'apparence physique, la personnalité ou le risque de maladie	déterminisme génétique : <a href="http://cirs.fr/breve.php?id=297">http://cirs.fr/breve.php?id=297</a>
Développement embryonnaire Gènes homéotiques	Les résultats obtenus suite à l'étude de phénomènes de différenciation embryonnaires, ou suite aux expérimentations sur le clonage d'organismes à partir de cellules différenciées mettent en évidence l'importance de l'activité du cytoplasme et à renverser le rôle de contrôle exercé classiquement par le génome : il semble plutôt ici que ce soit l'organisme qui contrôle l'activité des gènes (ex du développement de l'œuf de drosophile p.44-45). Ceci concerne justement les gènes homéotiques. Très conservés au cours de l'évolution, ces gènes responsables de la différenciation de l'embryon, présentent un état d'activité différentielle dans les différentes cellules de l'embryon. Cet état d'activité différentielle est produit au fur et à mesure de la différenciation par des états différents du cytoplasme.  A la question de savoir quelle est la nature du programme, il apparaît que celui-ci est contenu dans les interactions locales entre les phénomènes cytoplasmiques et	Atlan, 1999, p.43)

	<p>les noyaux cellulaires. Il n'a donc pas de localisation autre que la totalité de l'espace de l'embryon et n'est pas fixe dans le temps puisqu'il est fabriqué au fur et à mesure du développement lui-même.</p> <p>La modélisation d'un tel programme « délocalisé dans l'espace et dans le temps, qui tend à se confondre avec les processus de développement lui-même » (Atlas p.48) pourrait correspondre aux modèles des réseaux auto-organiseurs.</p> <p>Rôle du cytoplasme</p> <p>Programme de développement</p> <p>Transposé à un œuf de poule ce modèle suggère que la nature du programme de développement est l'ensemble des réactions physico-chimiques susceptibles de se produire entre les différentes molécules présentes (ADN, protéines, lipides, sucres, ions, autres...). Le programme est localisé dans tout l'œuf en transformation, y compris donc les réserves nutritives.</p> <p>Pour Stewart, les gènes homéotiques questionnent davantage qu'ils n'apportent de solution. Comment expliquer qu'une différence génotypique puisse engendrer de telles différences phénotypiques ? Ici encore, le déchiffrement de la totalité de la chaîne causale de la différence génotypique à la différence phénotypique nécessitera des connaissances autres que génétique, ici embryologique, et d'autres</p>
--	---

	<p>part la génétique apporte des informations notamment sur le moment et le lieu de l'activation du gène et fournit à nouveau une variable expérimentale précise et fiable. Là aussi, l'analyse suggérée est de type up to bottom.</p> <p>Les connaissances embryologiques nécessaires à ce type de travail inclut des notions construites dans le cadre de l'épigénétique (paysage épigénétique, phénocopie )</p>	
<p>Les résultats de l'étude des mécanismes moléculaire et de la génétique du développement dans le cadre de l'étude de l'évolution</p>	<p>mettent par exemple en évidence l'existence d'effets synergiques de mutations différentes qui interfèrent sur les mécanismes de stabilisation et de fidélité de la transduction des signaux de communications intercellulaires dans les tissus embryonnaires en cours de différenciation.</p> <p>Ils questionnent une vision des mécanismes de l'évolution limités à l'accumulation continue de petites variations génétique et rendent possibles des variations affectant l'ensemble des processus de différenciation et produisant de nouveaux plans de développement.</p>	<p>Atlan 1999 p.21</p>
<p>Résultat de clonage</p>	<p>enseignements du clonage de Dolly : le génome ne subit pas au cours du développement de changement irréversible mais l'obstacle à la reprogrammation réside dans les relations établies entre le noyau et le cytoplasme (facteurs épigénétiques). Ainsi la structure de la chromatique joue un rôle déterminant dans l'expression des gènes, son modelage, sa structure dépendent de signaux en</p>	<p>Fox Keller, 2003, p.89</p>

	<p>provenance du cytoplasme</p> <p>clonage d'organismes par transfert de noyaux</p> <p>, a montré le rôle de facteurs cytoplasmique maternel dans la « reprogrammation » du génome d'une cellule déjà différenciée</p> <p>Clonage d'un chat : le chat cloné identique génétiquement était d'une couleur différente en raison semble-t-il d'une activation différentielle des gènes contribuant à la couleur</p> <p>Mark Westhusin, Texas A&amp;M University in College Station (Etats Unis) cité par déterminisme génétique : <a href="http://cirs.fr/breve.php?id=297">http://cirs.fr/breve.php?id=297</a></p> <p>les clones de cochon, portant génétiquement identiques, diffèrent de leur original par l'apparence (poids, taille, type de poils) et le comportement (tempérament, préférences alimentaires) .</p> <p>interprétation : des modifications ont affecté l'activité de certains gènes ou des modifications de l'ADN ont pu avoir lieu pendant le processus de clonage</p>	<p>Atlan, 1999, p.22</p> <p>Mark Westhusin,</p> <p>les clones diffèrent de leur original par l'apparence et le comportement : <a href="http://www.cirs.fr/br eve.php?id=298">http://www.cirs.fr/br eve.php?id=298</a></p>
--	--	---

**Tableau 28 :** Caractérisation des pratiques de recherche scientifique (recherche fondamentale) en génomique

<p>Pratiques de recherche scientifique (recherche fondamentale)</p> <p><b>Pratiques de recherche</b></p> <p><b>Génomique</b></p>	<p><b>Finalités :</b></p> <p>Problématique</p> <p><b>Finalité structurale</b></p> <p>-déterminer la <b>séquence intégrale</b> des bases qui constituent les molécules d'ADN</p> <p>-dresser l'inventaire de la <b>totalité des gènes</b> d'un organisme, à les localiser sur le génome et à établir leur séquence complète</p> <p><b>Finalité fonctionnelle</b></p> <p>identifier la fonction des gènes repérés et localisés sur le génome (annotation)</p>	<p>Pratiques de recherche en génomique</p> <p>Pratiques de recherche en génomique intégrées à un projet fonctionnel</p> <p>Les approches fonctionnelles s'appuient sur l'étude de la structure du génome</p> <p>La génomique est un outil</p>
<p><b>Objets d'étude</b></p>	<p>Génome</p>	
<p><b>Résultats</b></p>	<p>Séquences complètes de génomes</p> <p>localisation de tous les gènes</p> <p>comparaison de séquences</p> <p>constitution de banques in vivo et in silico</p>	
<p>Ressources conceptuelles</p>	<p><b>notions de génétique moléculaire, de la génétique classique et du génie génétique</b></p>	

		<p><b>vision informationnelle</b></p> <p><b>démarche méthodologique :</b> démarche bottom up</p>	<p><b>Vision systémique</b></p> <p><b>Démarche méthodologique :</b> Chaque niveau d'organisation possède sa logique propre et constitue un niveau d'explication qui peut permettre de rendre intelligible les résultats observés au niveau inférieur (démarche top down qui peut être articulée à une démarche bottom up)</p>
<p>Ressources matérielles</p> <p>Techniques et méthodes</p>		<p><u>Issues de différentes disciplines :</u> biologie moléculaire, génie génétique, génétique classique, bio-informatique, robotique, mathématiques et chimie combinatoire, sciences pour l'ingénieur. La spécificité de ces techniques réside dans <b>l'échelle de leur mise en œuvre</b> permise par l'automatisation et la robotisation</p> <p><b>Bioinformatique :</b> développement d'une informatique de gestion (contrôle et pilotage des technologies appuyées sur l'automatisation et la robotisation) et d'exploitation spécifique (saisie, archivage de quantité massive de données ; constitution et gestion de banques de données ; exploitation de ces données (logiciel d'analyse des données)</p> <p><u>Technique de séquençage automatisé,</u></p> <p><u>Cartographie génétique des génomes</u> (localisation des microsattellites, séquences courtes répétées, réparties dans l'ensemble du génome, héritables et polymorphes) (cf génétique classique)</p>	

<p><u>Cartographie physique des génomes</u> (découpage du génome, introduction dans des vecteurs, ordonnancement des fragments par séquençage) ensemble de vecteurs = banque génomique</p> <p><b>Annotation</b> par comparaison de génomes de différentes espèces (bio-informatique), par inactivation (knock-out) ; mutation systématique</p>	
<p>Pour le projet génome humain géré par un consortium international</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>-répartition mondiale des tâches</li> <li>-concentration des moyens techniques et humains dans des « genome centers »</li> <li>-mutualisation des résultats par leur mise en ligne dans des banques de données accessibles à tous</li> <li>-coopération entre des laboratoires publics et des entreprises privées (assurant la distribution des réactifs, l'instrumentation, ou encore l'élaboration de diagnostic génétique, voire même une participation au séquençage)</li> </ul> <p>Entrée de la biologie dans l'ère de la « Big science »</p> <p>financement mixte de la recherche fondamentale questionne le champ scientifique du point de vue de l'indépendance des politiques de recherches mises en œuvre.</p>	<p><b>Mode d'organisation de la recherche</b></p>

Pratiques de recherche en génomique	Résultats en perspective	Annotation des gènes
des pratiques en évolution	Problèmes à résoudre	<p>Dépasser la coupure introduite par les techniques et méthode de recueil, de saisie, d'archivage dans des bases de données des données biologiques et <b>leur interprétation en terme biologique par un traitement souvent informatique</b> qui permet d'extraire une signification biologique de ces données.</p> <p><u>Problèmes posés aux bio-informaticiens</u> : traitement et classement d'une masse importante de données</p> <p><u>Problèmes posés aux bio-informaticiens et aux biologistes</u> : les approches rationnelles (espace notamment pour des apports de biologie théorique) à développer pour traiter ces données et en extraire la signification biologique tant pour l'aspect fondamental que pour les applications</p> <p><u>Exemple</u> : mise au point d'outils de comparaison et d'interprétation des banques de données sur les séquences d'ADN</p> <p><u>Des difficultés budgétaires</u></p> <p><u>Difficulté</u> dans l'annotation des génomes séquences</p>
	Enjeux pour les pratiques de recherche en génomique	Enjeu concernant la généralisation du séquençage d'ADN : l' <b>annotation est capitale dans la mesure où de la qualité des annotations dépendra la possibilité et l'intérêt de la comparaison entre génome</b>

**Tableaux 29 :** Caractérisation partielle des pratiques de recherche scientifique (recherche fondamentale) mobilisant comme ressource intellectuelle ou matérielle des résultats des pratiques de recherche en génomique

**Tableaux 29.a :** Caractérisation partielle des pratiques de recherche scientifique (recherche fondamentale) en protéomique

Pratiques de recherche scientifiques	finalités	<b>la modélisation de la structure 3D des protéines</b>
Pratiques de recherche en protéomique	Ressources matérielles	<b>Banques de données</b> issues du séquençage des génomes ; inventaire des gènes <b>Informatique de modélisation</b> : détermination de la structure tridimensionnelle des protéines à partir de la séquence linéaire des gènes
En émergence	Ressources conceptuelles	Mobilisation des connaissances issues de biologie moléculaire, de biochimie S'inscrit plutôt dans une vision informationnelle
	Résultats	Des difficultés

**Tableaux 29.b:** Caractérisation partielle des pratiques de recherche scientifique (recherche fondamentale) mobilisant la comparaison des génomes comme ressource

<b>Pratiques de recherche scientifiques (recherche fondamentale)</b>	<b>Ressources matérielles mises à disposition</b>	banques de données, techniques de séquençage, bio-informatique
		qui permettent une approche globale des objets d'étude renouvelle les problématiques ou les objets d'étude de ces disciplines et leur ouvre de nouvelles perspectives d'études
<b>Pratiques de recherche mobilisant la comparaison des génomes</b>	<b>Limites de ces approches uniquement structurales</b>	L'usage des résultats et techniques de la génomique comme outil dans un certain nombre de disciplines (génomique comparée) <b>peut faire craindre, si ces approches structurales ne sont associées à des approches fonctionnelles spécifiques de chacune de ces disciplines à nouveau une centration sur le génome comme niveau explicatif et donc le retour d'un réductionnisme à la fois ontologique et épistémologique.</b>
	<b>Biotechnologie :</b> Pratiques de transgénése	Intérêt pour cette pratique : identifier des gènes d'intérêt
	<b>Pratiques de microbiologie</b>	Intérêt pour ces pratiques de ces nouvelles ressources matérielles et intellectuelles: Identifier des gènes pathogènes, de susceptibilités, de réparation (microbiologie)

	<p><b>Pratiques de recherche en évolution ; en génétique des populations ; taxonomie</b></p>	<p>Intérêt pour ces pratiques de ces nouvelles ressources matérielles et intellectuelles</p> <p><u>d'identifier des similitudes entre espèces ; d'identifier des différences entre les génomes d'individus ou d'espèces ; retracer l'histoire des gènes</u></p> <p><u>de retracer les détails de l'histoire d'une espèce (histoire des migrations humaines et l'origine des peuples) (Jacquet, 2001) ou des filiations évolutives</u></p> <p><u>mécanismes de spéciation</u></p>
	<p><b>Ressources matérielles mis à disposition</b></p>	<p>(banques de données, techniques de séquençage, bio-informatique),</p>

**Tableau 30 :** Caractérisation des pratiques de recherche scientifique (recherche fondamentale) en post-génomique

<p><b>Pratiques de recherche scientifique (recherche fondamentale)</b></p>	<p><b>Finalités</b> Problématique</p>	<p>la post-génomique vise donc par des approches fonctionnelles et structurales une <b>compréhension intégrée</b> du fonctionnement de la cellule et de l'organisme prenant en compte sa dimension historique (stade de développement) et son insertion dans un environnement donné. Elles s'appuient sur l'étude du fonctionnement des produits des gènes, de leurs interactions et intègre les données des approches structurales notamment de la génomique</p>
<p><b>Pratiques de recherches en post-génomique</b></p>	<p><b>Objets d'étude</b></p>	<p><b>Ensembles de produits géniques :</b> Transcriptome, protéome, métabolome, <b>dynamique physiologique globale</b> d'un organisme : physiome <b>ensemble des interactions moléculaires :</b> interactome</p>
<p><b>résultats :</b></p>		<p>Profils d'expression Modèles d'interactions protéines-protéines/ protéines- ADN Banques de données</p>
<p><b>Ressources intellectuelles</b></p>		<p><b>des concepts, cadres théoriques issus de domaines différents :</b> génomique, biologie moléculaire, biologie cellulaire, physiologie, embryologie par exemple. Les approches sont donc multi échelles, pluri théoriques et inter et intra et inter disciplinaires. Ouvre de nouvelles perspectives pour la biologie théorique <b>Vision systémique</b> <b>Démarche méthodologique :</b> Chaque niveau d'organisation possède sa logique propre et constitue</p>

	<p>un niveau d'explication qui peut permettre de rendre intelligible les résultats observés au niveau inférieur (démarche top down qui peut être articulée à une démarche bottom up)</p>
<p><b>Ressources matérielles</b></p>	<p><u>Issues de différentes disciplines</u> : biologie moléculaire, génie génétique, génétique classique, bio-informatique, robotique, mathématiques et chimie combinatoire, sciences pour l'ingénieur. La spécificité de ces techniques réside dans l'échelle de leur mise en œuvre permise par l'automatisation et la robotisation (techniques qualifiées de « haut débit »)</p> <p><u>Techniques d'analyse du transcriptome</u> : Banques d'ADNc ; Puces à ADN ; analyse informatique</p> <p><u>Techniques d'analyse du protéome</u> : électrophorèse ; spectrométrie de masse ; analyse informatique</p> <p><u>Techniques d'analyse de l'interactome</u> : cartes des interactions intégrant les dimensions spatiales et temporelles ; double hybride</p> <p><u>Techniques d'analyse du physiome</u> : développement de bases de données globales, modélisation</p> <p><b>Bioinformatique</b> : développement d'une <b>informatique de gestion</b> (contrôle et pilotage des technologies appuyées sur l'automatisation et la robotisation) et <b>d'exploitation spécifique</b> (saisie, archivage de quantité massive de données ; constitution et gestion de banques de données ; <b>exploitation de ces données</b> (logiciel d'analyse des données))</p> <p>Développement de la <b>modélisation informatique</b> de cellules, d'organes (cf cœur), d'organismes en fonctionnement</p>
<p><b>Mode</b></p>	<p>Mise en place de projets coopératifs entre plusieurs disciplines</p>

	<b>d'organisation de la recherche</b>	<p>ULM (2009) : suppression des références disciplinaires</p> <p>Financement mixte de la recherche fondamentale questionne le champ scientifique du point de vue de l'indépendance des politiques de recherches mises en œuvre.</p>
		Compréhension intégrée du fonctionnement d'une cellule, d'un organe, d'un organisme
<p><b>Les pratiques de recherche en post-génomique</b></p> <p><b>Des pratiques en évolution</b></p>	<p><b>Résultats en perspectives</b></p> <p><b>Problèmes à résoudre</b></p>	<p>Dépasser la coupure introduite par les techniques et méthode de recueil, de saisie, d'archivage dans des bases de données des données biologiques et <b>leur interprétation en terme biologique par un traitement souvent informatique</b> qui permet d'extraire une signification biologique de ces données.</p> <p><u>Problèmes posés aux bio-informaticiens</u> : traitement et classement d'une masse importante de données</p> <p><u>Problèmes posés aux bio-informaticiens et aux biologistes</u> : les approches rationnelles (espace notamment pour des apports de biologie théorique) à développer pour traiter ces données et en extraire la signification biologique tant pour l'aspect fondamental que pour les applications</p> <p><u>Exemple</u> : mise au point d'outils de comparaison et d'interprétation des banques de données sur les séquences d'ADN, de protéines, de produits du métabolisme, de leurs interactions, des caractéristiques phénotypiques des individus, etc...</p> <p><b>Des difficultés à expliquer globalement le fonctionnement de systèmes complexes (cellule,</b></p>

	<p><b>organe, organisme</b></p> <p><u>Des difficultés budgétaires</u></p>	
	<p>Donner un sens biologique aux différentes données issues des différents niveaux d'analyse</p>	<p>Enjeux pour les pratiques de recherche en post-génomique</p>

**Tableau 31 :** Caractérisation de pratiques mobilisant des ressources de recherche en génomique : pratiques de recherche en génétique des populations

<p><b>Pratiques de recherche en génétique des populations</b></p> <p>Montchamp (à paraître)</p> <p>Auffray (1996)</p>	<p>Problématique</p>	<p>Comprendre l'évolution du pool génétique d'une population</p> <p>Comprendre les causes du changement de dotation génétique d'une population</p> <p>étude du polymorphisme humain a donné naissance à la génétique des populations qui a pour objet de déterminer la fréquence des allèles dans différents groupes humains et ses variations en fonction de paramètres historiques, géographiques ou culturels</p>
	<p>Objet d'étude</p>	<p>pool génétique</p>
	<p>Concepts/ résultats</p>	<p>Gène = facteur transmis de génération en génération dont les variations pourront conférer un avantage sélectif positif ou négatif aux individus qui le porte</p> <p>Intérêt pour la structure moléculaire et la fonction biochimique de gènes impliqués dans la spéciation</p> <p>Pool génétique (ensemble des génomes des individus qui composent une population)</p> <p>Synthèse entre génétique mendélienne et théorie darwinienne</p> <p>Description de la population par la fréquence des allèles et des génotypes</p> <p>Diversité génétique perçue à travers diversité morphologiques, protéique puis</p>

<p>nucléotidique</p> <p>Evolution du polymorphisme génétique sous action de deux facteurs : ceux qui augmentent le polymorphisme : mutations , migrations, recombinaison, ; ceux qui le diminuent : la dérive génétique (nombre des individus d'une population jamais infinie, tirage aléatoire des gamètes d'un génération pour constituer la suivante tend à faire disparaître une partie des allèles) et la sélection naturelle (augmente la fréquence des allèles favorables dans un environnement et diminue celle de ceux défavorables</p>	
<p>Modélisation mathématique de l'ensemble de ces processus (migration, mutation, dérive génétique, sélection naturelle, diversité génétique de la population initiale) pour décrire le passage d'une génération à l'autre</p> <p>Examen informatique et statistique des fréquences des allèles , génotypes, distribution des fréquences, comparaison entre loci, entre populations et entre générations =&gt; information sur le taux de mutation, de recombinaison, repérer les gènes soumis à sélection, les migration, les changements de régime démographique</p> <p>Informatique, statistiques, modélisation utilisés dans des tests d'hypothèse ou des procédures d'estimation de paramètre</p> <p>Application : analyse des déséquilibres de liaison pour identifier les gènes de susceptibilité aux maladies multifactorielles</p> <p><b><u>Pharmacogénétique</u></b>: identifier au sein d'une population répondeur ou pas au</p>	<p>Méthodologies/ techniques</p>

médicament et de relier ces différences à des polymorphismes de l'ADN

**Médecine préventive** : connaissance des profils génétique des populations (avec développement des banques d'ADN) ouvre des perspectives pour déterminer les réponses les mieux adaptées

Gestion et exploitation de la biodiversité : conservation et protection des espèces menacées (méthode de gestion des petites populations pour maintenir la diversité génétique ; conservation de la variation génétique potentiellement intéressante (cryobanque de gamètes, embryon, graine, souche microbienne)

**Empreinte génétique** : microsatellites et test ADN, application en médecine légale ; traçabilité

**Tableau 32 :** Caractérisation de pratiques mobilisant des ressources de recherche en génomique : pratiques de recherche en évolution

Théorie synthétique de l'évolution	Problématique	Comprendre comment à partir d'une origine commune s'obtient autant de diversité  Etudier l'évolution et la progressive divergence des espèces c'est décrire l'arbre de la différenciation à partir d'une origine commune et tenter d'en préciser les causes (arbre phylogénétique)
	Objet d'étude	<u>Avant l'ère du « tout génétique » :</u> Etude des fossiles  <u>Ere du « tout génétique » :</u>  Etude des modifications intervenues dans les séquences d'ADN  Etude comparée de différentes protéines
	Concepts/ résultats	Tous les êtres vivants ont une origine commune  Production aléatoire de diversité/ sélection naturelle  <u>Ere du « tout génétique » :</u>  Variations génétiques aléatoires  Sélection est la seule force directrice de l'évolution

Mécanismes de l'évolution : duplication des gènes,

**Résultats récents :**

Autour du rythme de l'évolution

si variations aléatoire au niveau génétique, ne le sont pas forcément au niveau phénotypique : existe un champ des possibles dans les variations phénotypiques/ théorie des équilibres ponctués, sélection trie des organismes qui a cause des contraintes génétiques, morphologiques limitent le champ des variations possibles/ structure peut exister pour des raisons de morphogénèse

vision gradualiste néodarwinienne + justification de l'existence d'une structure par l'avantage sélectif qu'elle apporte à un organisme

seules les mutations affectant des gènes régulateurs (comme les gènes homéotiques) auraient des conséquences évolutives importantes

**comparaison des génomes d'espèces différentes** => forte proximité suggère différence provient des gènes régulateurs

isolement, caractérisation de gènes impliqués dans le développement et dont modification de l'expression conduit à de nouvelles morphologie : confirme au niveau moléculaire le lien entre ontogénèse et phylogénèse

théorie neutraliste

Méthodologies/ techniques	<p><b><u>Outils/ résultats apportés par la biologie moléculaire :</u></b></p> <p>variabilité génétique au sein d'une espèce (dont majorité sans doute neutre ce qui minimise rôle de la sélection)</p> <p>horloge moléculaire/ distance génétique entre molécules/ADN</p> <p>gènes morcelés apporte mécanisme possible pour expliquer formation de protéines complexes</p> <p>comparaison acides nucléiques et protéines des différents compartiments cellulaires =&gt; origine symbiotique des premières cellules à noyau</p> <p>hypothèse d'un monde ARN qui précède monde ADN transforme le problème de l'origine de la vie</p> <p>données moléculaires permettant d'évaluer quantitativement la distance moléculaire entre espèces différentes (modification des branches de l'arbre phylogénétique, élaboration du cladisme, nouvelle méthode qui estime distance phylogénétique indépendamment de toute idée a priori sur la filiation)</p> <p><b><u>mobilisation des ressources de la génomique comparée</u></b></p>
------------------------------	---

**Tableau 33 :** Caractérisation des pratiques de recherche scientifique (recherche fondamentale) médicale en génomique et en post-génomique

<b>pratiques de recherche scientifique (recherche fondamentale) médicale</b>	<b>Finalités</b>	<p>Mieux comprendre les maladies</p>
	<b>Ressources intellectuelles</b>	<p><b>Les approches structurales</b> en permettant de dresser un inventaire exhaustif et précis des gènes humains facilitent l'identification et la localisation des gènes responsables de pathologies ou y prédisposant</p> <p>Vision systémique</p> <p>Démarche bottom up ? : <b>approches fonctionnelles</b> à identifier la fonction du gène, c'est-à-dire comprendre le rôle de la protéine normale qu'il permet de produire et comprendre comment les mutations qui affectent ce gène entraînent une dysfonction ou une perte de la protéine correspondante, et comment ces altérations participent au mécanisme de développement d'une maladie au niveau de l'organisme en prenant en compte s'il y a lieu les influences environnementales</p>
	<b>Ressource matérielle</b>	<p>Celles de la génomique et de la post-génomique appliquée à un objet d'étude particulier : un organisme malade</p>
	<b>résultats</b>	<p>Test génétique à partir des approches structurales</p>
	<b>Mode d'organisation de la recherche (en voie de</b>	<p>Le succès d'une recherche médicale en génomique dépend d'efforts de collaboration entre laboratoires de différentes disciplines et entre des chercheurs capables d'intégrer différentes</p>

	<b>construction)</b>	disciplines scientifiques et médicales
<b>Résultats en perspective</b>		<p>Compréhension des maladies à partir des approches fonctionnelles</p> <p>Ouverture de nouvelles pistes thérapeutiques</p> <p>Constitution de biobanques permettant la <u>corrélation le polymorphisme à la probabilité de survenue d'une maladie génétique</u></p> <p>de banques de données génétiques « populationnelles</p> <p>éclairage sur les relations entre l'environnement et le risque de développer des maladies particulières</p> <p>thérapie génique ?</p>
<b>Problèmes à résoudre</b>		<p>mettre aux points des méthodes permettant de comprendre l'impact biologique (aux différents niveaux d'organisation) d'une variation génique et d'en déduire des applications cliniques</p> <p>Concernant la thérapie génique, les incertitudes sur le rôle de l'environnement génomique, cellulaire et extracellulaire sur les gènes et leur expression interrogent la pertinence actuelle des investissements dans ce domaine.</p>
<b>Enjeux (en 1999)</b>		<p><u>scientifiques</u> autour de la compréhension du développement et du fonctionnement de l'organisme humain,</p>

	<p><u>institutionnels</u> d'organisation de la recherche biomédicale en génomique et post-génomique et des enjeux de formation des futurs chercheurs dans ce domaine</p> <p><u>médicaux</u> : pour mieux soigner (recherche scientifique ou clinique )</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- identifier de nouveaux gènes</li> <li>-ouvrir de nouvelles pistes thérapeutiques, ou des mesures de prévention plus efficaces</li> <li>- Mieux adapter les traitements en fonction des profils génétique des patients</li> <li>-mise au point de thérapies géniques</li> </ul>
--	--

**Tableau 34 :** Caractérisation des pratiques de médicales

<p><b>Pratiques médicales</b></p>	<p><b>finalités</b></p>	<p>Diagnostiquer ou prédire des maladies</p>
<p><b>Prédire, diagnostiquer</b></p>	<p><b>Ressources matérielles</b></p>	<p><b>L'élaboration de tests diagnostics</b> portant aussi bien sur les maladies mono ou poly génétiques a été rapide</p> <p>L'étude du profil d'expression du transcriptome permet d'affiner le diagnostic (caractérisation nosologique, pronostic évolutif)</p>
	<p><b>résultats</b></p>	<p><u>Pour le diagnostic</u> : identification de la maladie, affinage du diagnostic</p> <p><u>Pour la prédiction</u> : risque relatif associé à la possession de tel ou tel marqueur génétique de développer telle ou telle maladie</p>
	<p><b>Mode d'organisation</b></p>	<p>réflexion est à mener autour des modalités de passation de ces tests génétiques.</p> <p>Une réflexion sur le moment du diagnostic (avant la naissance, après la naissance, au cours de la vie) et les conséquences différentes qui en découlent (notamment par exemple un avortement thérapeutique)</p> <p>l'émergence d'une médecine prédictive en amont de la prévention</p>
	<p><b>Rôle du patient et du médecin en médecine</b></p>	<p><b>Modification des relations entre médecin et patient</b></p> <p>changement du statut du patient et de celui de sa famille car il est moins considéré comme un</p>

	<b>prédictive</b>	<p>individu que comme une unité de population,</p> <p>De nouvelles modalités de pratiques visent à garantir cette liberté au choix de savoir ou pas (autorisation écrite du patient, explicitation de l'extension des tests, s'assurer de la compréhension par le patient de la signification des tests</p> <p>Impact sur le patient : peut modifier des décisions concernant la procréation, ...</p>
	<b>enjeux</b>	<p>Mieux diagnostiquer pour mieux soigner</p> <p>Mieux prédire pour mieux prévenir</p> <p><u>Ethique de ces nouvelles pratiques</u> :</p> <p>ré-humaniser la médecine en lui permettant de prendre en compte chaque patient dans sa singularité</p> <p>en tension avec le risque de promouvoir une vision de l'homme réduit à ses gènes</p>
	<b>Problèmes à résoudre</b>	<p><b>problèmes de coûts : coût de tests génétiques encore prohibitif</b></p> <p><b>problèmes de pertinence de ces tests:</b> en l'absence de traitement curatif voire même préventif ou de la difficulté pour un individu apparemment sain d'accepter un traitement.</p> <p>Problème de la fiabilité de l'évaluation du risque et de la compréhension de la notion de risque par le patient</p>

**Tableau 35 :** Éléments pour un panorama des pratiques mobilisant comme ressource des résultats, des techniques, des méthodes des pratiques de recherche en génomique et en post-génomique. (notes)

Référence :

- ACADEMIE DES SCIENCES. (1999). *Développement et applications de la génomique. L'après génome*. Paris : Editions Tec & Doc.
- APBG. (2004). *Le génome*. Lyon : APBG.
- AUFFRAY, C. (1996). *Le génome humain*. Paris : Flammarion collection Dominos.
- GROS, F. (2003). Les sciences de la vie au XX<sup>e</sup> siècle. *Biologie Géologie*, n°2,,321-342.
- MATTEI, J. F. (Ed.) (2001). *Le génome humain*. Strasbourg : Editions du conseil de l'Europe.
- Furness & Pollock (2001). L'industrie et le génome humain. In J.F Mattéi, *Le génome humain*, Strasbourg : Editions du conseil de l'Europe.

Sites Internet

- Centre international de recherche scientifique (CIRS) : <http://www.cirs.fr>
  - **site de la fondation de recherche médicale** : <http://www.frm.org>
  - **Mise au point d'une technique de neutralisation de gènes facteurs de maladies** : <http://www.cirs.fr/breve.php?id=547>
  - AFP 11 août 2004 ([http://www.interet-general.info/article.php3?id\\_article=2078](http://www.interet-general.info/article.php3?id_article=2078))
  - Site de la cirad [http://publications.cirad.fr/une\\_notice.php?dk=533893](http://publications.cirad.fr/une_notice.php?dk=533893)
  - [http://www.observaurocde.org/news/fullstory.php/aid/881/Les\\_biobanques.html](http://www.observaurocde.org/news/fullstory.php/aid/881/Les_biobanques.html) )
- [http://www.ircm.qc.ca/bioethique/obsgenetique/zoom/zoom\\_03/z\\_no13\\_03/z\\_no13\\_03\\_01.ht](http://www.ircm.qc.ca/bioethique/obsgenetique/zoom/zoom_03/z_no13_03/z_no13_03_01.ht)
- **Site INAPG ?? (brevets)**

### Outil pour la génétique des populations

Un projet controversé sur la diversité génétique humaine (Auffray, 96) finalement rejeté

- ⇒ objectif = étudier profil génétique de 10 000 à 100 000 individus répartis dans 500 des 5000 populations humaines répertoriées par les anthropologues sur la bases de différences linguistiques, culturelle, géographique ;
- ⇒ vise contribution à la connaissance de l'origine des peuples et compréhension bases génétiques des maladies héréditaires y compris prédisposition à la sensibilité agent infectieux, régimes alimentaires et facteurs environnementement ;
- ⇒ populations doivent être représentatives de l'ensemble de l'espèce humaine et participer volontairement au projet en tant que partenaire et non comme simple sujet d'étude.

Il est prévu que les investigations (prélèvement sanguins, établissement de lignées cellulaires, extraction d'ADN, exécution de tests génétique) soient en grande partie effectuées localement, et que les résultats des analyses soient communiqués aux intéressés et utilisés pour leur bénéfice.

Malgré de bonnes intentions, le projet suscite de vives objections :

- pour certaines population n'ayant pas accès à un système de soins permettant d'assurer leur survie, la recherche génétique n'est pas une priorité ;
- l'urgence affichée de la collecte d'échantillons biologiques des populations en danger d'extinction culturelle et physique a paru suspecte en l'absence de mesures élémentaires visant à les protéger ;
- a été interprété comme une négligence par rapport à la dignité humaine.

### La génomique et les biotechnologies (Gros, 2003)

- connaissance du génome de nombreux microbes pathogènes ;
- parmi eux séquençage du génome de bactéries à l'origine de maladies connues depuis longtemps : bacille de Koch ou de Hansen dont on a comparé les génomes et dont connaissance génomique a permis de mieux comprendre la réémergence en éclairant le rôle des gènes de réparation qui par leurs mutations confèrent une vigueur accrue au bacille ;
- a fourni de nombreuses données / Rickettsies, aux agents parasitaires (cf *Plasmodium falciparum*) (mise au point de nouveaux vaccins ou caractérisation de gènes de susceptibilité) ;
- vaccin à ADN testé pour prévention hépatite B, herpès, grippe, paludisme, sida, lymphome, adénocarcinomes (sein, intestin) du cancer de la prostate ;
- vaccination par ingestion de plantes transgéniques synthétisant des protéines capables d'induire une immunité par l'intermédiaire des muqueuses lesquelles produisent des IgA et des lymphocytes T ;
- séquençage de l'anophèle vecteur du paludisme en cours et *Aedes aegypti* vecteur du virus de la dengue (infection de ce moustique par un virus porteur d'un gène empêchant la réplication du virus de la dengue au niveau des glandes salivaires rend sa pique inoffensive).

Exemples d'applications potentielles dans le domaine médical :

### **Mieux comprendre les maladies à composante héréditaire**

Identifier, localiser et annoter les gènes responsable de pathologies ou y prédisposant (Jacquet, 01 ; Gros, 03)

- Les approches structurales en permettant de dresser un inventaire exhaustif et précis des gènes humains facilitent l'identification et la localisation des gènes responsables de pathologies (maladie monogénétique par exemple la mucoviscidose, la myopathie de Duchenne, la maladie de Gaucher) (Gros, 2003) ou y prédisposant<sup>3</sup> (maladies polygénétique ou polyfactorielle) ;
- Etablir la cause moléculaire des pathologies (Gros, 2003) ;
- Une fois qu'un gène est localisé, reste à le cloner et à déterminer sa séquence, et surtout grâce aux approches fonctionnelles à identifier sa fonction, c'est-à-dire comprendre le rôle de la protéine normale qu'il permet de produire et comprendre comment les mutations qui affectent ce gène entraînent une dysfonction ou une perte de la protéine correspondante, et comment ces altérations participent au mécanisme de développement d'une maladie. (fmr, académie des sciences, 99).

### Maladies monogénétiques

⇒ localisation et identification de gènes cibles de mutations pour des maladies monogénétiques **pour lesquelles aucun indice sur le mécanisme n'est disponible et donc pour lesquelles il est difficile de localiser et d'identifier le gène impliqué, par la réalisation de la cartographie génétique de marqueurs polymorphes qui sont transmis avec la maladie et donc avec le gène associé au phénotype morbide** : exemple la géno-dermatose (maladie de peau).

---

<sup>3</sup> Les gènes de prédisposition sont des gènes qui, en association avec d'autres facteurs de l'environnement et certains modes de vie, tendent, lorsqu'ils sont modifiés, à favoriser le développement d'une maladie

La localisation puis l'identification du gène ouvre de nouvelles pistes thérapeutiques pour ces maladies d'une part en permettant de mieux comprendre les mécanismes moléculaires sous-jacents et donc en permettant d'identifier de nouvelles cibles pour des médicaments et d'autre part en ouvrant la voie à une éventuelle thérapie génique.

Maladies multifactorielles : apport de l'étude de la susceptibilité génétique

⇒ **reconfiguration de la classification des maladies sur des critères moléculaires et non plus cliniques qui ouvre de nouvelles pistes thérapeutiques (apbg, 2004)**

L'étude de la susceptibilité génétique de maladies comme par exemple les maladies cardiovasculaires et neurodégénératives a permis de mettre en évidence que pour ces deux maladies a priori sans lien clinique la présence de l'allèle E4 du gène codant pour l'apolipoprotéine E (véhicule les graisses dans le sang), constitue un facteur de risque moléculaire pour ces deux maladies complexes, alors que la présence de l'allèle E2 représente une diminution du risque.

Le rapprochement sur des critères moléculaires de ces deux maladies jusqu'alors dissociées par la classification clinique ouvre de nouvelles perspectives de traitement.

⇒ **La compréhension moléculaire des modalités d'apparition de la maladie en relation avec les allèles possédés permet l'adaptation du traitement en fonction du profil génétique (apbg)**

L'étude de la susceptibilité génétique de l'obésité a mis en évidence que la possession de certains allèles du gène du récepteur B2 adrénergique (intervient dans la fonte des graisses) sont à l'origine d'une variation d'intensité de la lipolyse en interaction avec l'activité physique. Ainsi les sujets en surpoids qui possèdent ces allèles perdent plus rapidement du poids s'ils ont une activité physique régulière, les autres non. Ainsi en fonction de la connaissance de cette susceptibilité génétique, il convient de conseiller pour perdre du poids à certaines personnes d'avoir une activité physique régulière, alors qu'à d'autres il sera plus pertinent de conseiller de suivre un régime.

Connaissance du génome des virus et bactéries pathogènes .

### **Mieux prédire/ prévenir les maladies**

**Élaboration de tests diagnostics** permettant de dépister des gènes cibles de mutations de maladies monogénétiques (Académie des sciences, 99) ou des gènes de susceptibilité pour des maladies multifactorielles (comme les maladies cardio-vasculaires ou neuro-dégénératives)

Des tests génétiques reposant sur différents principes (Auffray, 96) permettent de diagnostiquer une maladie héréditaire ou de prédire sa survenue. L'étude du profil d'expression du transcriptome permet d'affiner le diagnostic (caractérisation nosologique, pronostic évolutif par exemple Gros, 2003) et de réaliser des diagnostics précoces de la maladie et donc d'intervenir plus tôt dans le développement de la maladie

### **Différents points de réflexion (Auffray, 1996) :**

Principaux paramètres pris en compte :

- gravité des pathologies concernées ;
- le moment de leur déclenchement ;
- l'existence ou non d'un traitement ;
- moment du diagnostic : chez l'enfant : après la naissance, avant la naissance ; chez les parents avant la procréation ;
- impact sur la famille ;
- risque de réduire l'individu à ses composantes génétiques ;
- impact sur les dépenses de santé (enjeu nord/sud).

### **Vers une médecine prédictive :**

<sup>1</sup> Située en amont de la prévention, elle vise à détecter des individus qu'il faut surveiller préventivement au regard du risque relatif qu'ils encourent de développer telle ou telle affection. La quantification du risque relatif associé à la possession de tel ou tel marqueur génétique est

établie par comparaison dans chaque population étudiée du nombre de malades porteurs du ou des marqueurs génétiques avec celui des malades ne le portant pas (Jean Dausset (in Mattéi, 2001)).

### **Mieux soigner**

Une meilleure compréhension des mécanismes des maladies monogénétiques ou plurifactorielles comme les cancers, les maladies cardiovasculaires, neurodégénératives, infectieuses ouvre la perspective d'établir avec précision la cause moléculaire (cf myopathie de Duchenne avec la mise en évidence du gène codant pour la dystrophine<sup>4</sup>), d'identifier de nouvelles cibles thérapeutiques, de concevoir de nouveaux traitements (Gros, 2003).

- Le séquençage de nombreux organismes pathogènes offre également de nouvelles perspectives de lutte contre les maladies infectieuses (APBG) ;
- L'identification du gène défectueux peut permettre la production par génie génétique à l'aide de l'ADNc d'une protéine normale (facteur VIII pour l'hémophilie A) (Auffray, 96).

### **Thérapie génique (académie des sciences, 1999 ; Auffray, 96 ; Mattéi, 99)**

- la thérapie génique vise à agir sur le génome pour faire produire à l'organisme une protéine d'intérêt thérapeutique ou à inhiber un allèle muté<sup>5</sup> s'affiche comme un horizon encore lointain étant donné les difficultés rencontrées.

---

<sup>4</sup> GROS, F. (2003). Les sciences de la vie au XXI<sup>e</sup> siècle. *Biologie Géologie*, n°2.,321-342.

<sup>5</sup> <http://www.cirs.fr/breve.php?id=547> : Mise au point d'une technique de neutralisation de gènes facteurs de maladies :

Mise au point d'une technique de neutralisation d'allèles de gènes facteurs de maladies (<http://www.cirs.fr/breve.php?id=547>)

Expérience en culture cellulaire mettant en œuvre une technique appelée « interférence ARN » et ont rendu silencieux l'allèle muté sans affecter l'expression de l'allèle normal. Il s'agit d'une alternative pertinente à l'insertion d'un allèle correcte par transgénèse dans le cas où l'allèle muté est dominant et que le malade possède un allèle normal.

Perspective : utilisation de cette technique pour le traitement du cancer, de la maladie de Huntington

**pharmacogénétique** : recherche à corréler la variabilité génétique (polymorphisme génétique) et la réponse des patients aux traitements thérapeutiques par l'analyse des gènes impliqués dans l'absorption, la distribution, le métabolisme et l'excrétion des médicaments permettant une meilleure adaptation des prescriptions (Mattéi, 2001, APBG, 2004)

L'établissement du profil génétique d'un individu permet d'adapter son traitement à son profil. Ainsi dans le cadre d'un essai thérapeutique visant le maintien des fonctions cognitive de patients atteints de maladies neuro-dégénératives, le médicament testé parallèlement à un placebo permettait un maintien des fonctions cognitives uniquement chez les porteurs de l'allèle E4 du gène codant pour l'apolipoprotéine E (véhicule les graisses dans le sang). Dans tous les autres cas, la prise de médicament ou du placebo était associée à une aggravation de la maladie. Ainsi l'objectif de la pharmacogénétique est d'identifier les individus qui répondront le mieux à un traitement en limitant au maximum les effets indésirables grâce à la connaissance de leur profil génétique

Les banques de données

Extension des banques de données génétique à usage scientifique, sanitaire et policier.

Modalités d'alimentation des banques de données variables en fonction des pays avec parfois une automatisation de leur constitution.

**Exemple:**

- **banque de données génétique sur le café** (créé en 2004 par le Brésil) AFP 11 août 2004 ([http://www.interet-general.info/article.php3?id\\_article=2078](http://www.interet-general.info/article.php3?id_article=2078);

- **Banque de données internationale sur le matériel génétique du cacaoyer** (Site de la Cirade [http://publications.cirad.fr/une\\_notice.php?dk=533893](http://publications.cirad.fr/une_notice.php?dk=533893)) : elle combinera des informations génétique moléculaire enregistrées dans la TropgeneDB (banque de données moléculaire développé par le CIRAD : cartes génétiques, et physiques, marqueurs, Quantitative Trait Loci, des séquences de données et des données moléculaires sur les ressources génétiques) et des données phénotypiques incluses dans l'ICGD (banque internationale de données sur le matériel génétique du cacao développée par l'université de Reading) ;

Pour le Cacao la TorpeneDB comporte sur le cacao : 500 clones avec leur génotype et divers marqueurs, des cartes génétiques et des informations sur les marqueurs.

L'ICGD fournit des informations phénotypiques sur le matériel génétique du cacaoyer. Elle héberge 138000 entrées différentes avec des informations sur les origines génétiques et géographiques, l'histoire de la constitution de la collection, la morphologie, les ravageurs, les maladies, les réactions aux conditions difficiles, les caractères de qualité et agronomiques ainsi que les données anatomiques.

Toutes ces données vont être incorporées dans la nouvelle banque. Elle fonctionne avec un système particulier permettant de récupérer des informations biologiques complexes, offrant une interface graphique dotée de nombreux outils de visualisation. Elle est accessible par internet.

Déclaration internationale sur les données génétiques ; sur le génome.

Unesco. [http://www.ircm.qc.ca/bioethique/obsgenetique/zoom/zoom\\_03/z\\_no13\\_03/z\\_no13\\_03\\_01.ht](http://www.ircm.qc.ca/bioethique/obsgenetique/zoom/zoom_03/z_no13_03/z_no13_03_01.ht)

- **déclaration universelle sur le génome humain et les droits de l'homme (1997) Lacadena in Mattei)**

Référence aux aspects génétique de la déclaration approuvée par les 186 membres de l'Unesco au cours de la 29<sup>ème</sup> conférence générale le 11 novembre 1997.

Adoptée ultérieurement par les nations unies en 1998 à l'occasion du 50<sup>ème</sup> anniversaire de la Déclaration universelle des droits de l'homme de 1948.

Ce cadre d'analyse doit prendre en compte que le cadre des principes énoncés doit être approuvé par des pays aux cultures, aux philosophies et aux intérêts très différents :

- unité fondamentale de la famille humaine ;
- patrimoine de l'humanité (n'est soumis à aucune appropriation ou disposition de la part d'un individu ou groupement) ;
- individu et identité génétique ;
- individus sont plus que leur génome ;
- ne doit servir de base à aucune discrimination ;
- génome humain est évolutif et dynamique ;
- le développement d'un individu est le résultat de l'expression de son génotype (génome) dans certaines conditions environnementales et socioculturelles.

Controverse les plus vives sur les brevets de gènes humains (**tableau 37** des annexes de la partie III, p.143) : « *le génome en son état naturel ne peut donner lieu à des gains pécuniaires* ».

- **texte normatif international sur les données génétiques** (octobre 2003) :
- reconnaissance de l'importance des données génétiques dans les domaines médicaux, de la recherche et de l'identification ;
- constat de la difficulté d'anonymiser les données génétiques ;
- confirmation de la spécificité des données génétique dans la mesure où peuvent révéler des informations incertaines et revêtir une importance culturelle ;

- protection accrue pour la collecte et l'utilisation de données génétiques à des fins qui ne visent pas le bénéfice individuel ;
- définition de finalités légitimes pour la collecte, le traitement, l'usage et la conservation de données génétiques :
- Fins médicales (diagnostic, dépistage, test prédictifs) fins de recherche médicale ou scientifique (étude de génétique des populations, études épidémiologiques ou anthropologiques) ou tout autre fin compatible avec la déclaration de 1997 telles des finalités légales
- évoque les conditions de collecte et d'utilisation des données (transparence des procédures, participation du grand public au processus de prise de décision : témoigne du désir de la participation de la société à des enjeux technologiques et scientifiques laissés aux experts ;
- réaffirmation des principes de non discrimination (/ aux données génétiques) et de non stigmatisation (/ personnes, familles et groupes)
- absence de discussion sur le potentiel commercial ;
- révision par l'OMS des bonnes pratiques sur les questions éthiques relatives à la génétique médicale et aux services génétiques.

Exemples d'applications potentielles dans le domaine de l'industrie pharmaceutique (Auffray, 1996, Mattei, 2001)

Toujours dans la perspective de proposer de nouvelles pistes thérapeutiques, et aussi dans un souci de diminution des coûts, les industries pharmaceutiques recherchent, en s'appuyant sur la connaissance des gènes impliqués dans les maladies à composante héréditaire, à produire de nouveaux médicaments par une approche plus ciblée et plus rationnelle. En effet, tente actuellement de se substituer à une **approche globale** par criblage systématique puis essais biologiques de grandes séries de molécules et de leurs dérivés, une **approche ciblée plus rationnelle** reposant sur la connaissance des structures des cibles et des mécanismes d'action biologiques permise par les résultats de la génomique et de la post-génomique (Auffray, 96).

=> découverte **de nouvelles cibles de médicaments**, de nouveaux agents thérapeutiques ou marqueurs diagnostiques ;

- ⇒ par l'analyse d'une banque EST dérivée d'un tissu particulier qui informe sur les gènes particulièrement exprimés dans un tissu associé à un phénotype « malade » par rapport au phénotype « sain » et permet d'identifier des gènes dont le rôle est important dans l'expression de la maladie ;
- ⇒ par l'identification de nouvelles protéines dans un protéome associées à un phénotype de maladie.

### **Application des résultats de génomique structurale :**

- identification de cibles susceptibles de devenir des médicaments par comparaison structurale dans les banques de données avec des cibles actuelles ;
- prévision des effets du polymorphisme sur la structure d'une protéine ;
- conception virtuelle de médicaments.

Gains potentiels énormes pour une firme pharmaceutique à développer un nouveau médicament

- ⇒ recherche à repérer de nouvelles cibles plus appropriées afin de développer des médicaments plus efficaces pour répondre aux besoins médicaux non satisfaits ;
- ⇒ être plus efficaces en matière de sélection de médicament candidat (plus efficace, moins toxique, entraînant moins d'effets secondaires) a priori double bénéfice pour le patient (mieux ciblé, moins toxique et plus efficace) et pour l'industrie (moins cher) ;
- ⇒ génomique s'oriente vers la diffusion d'outils permettant une identification, une validation et une optimisation rapides des cibles pour de nouveaux médicaments à travers l'étude du transcriptome et du protéome.
  - utilisation de banques de séquence dans le développement des médicaments ; des banques de données d'expression (transcriptome, protéome) ;

- découverte des cibles et les marqueurs ; pharmacogénomique (connaissance en physiopathologie et découverte des cibles), évaluation de l'innocuité ;
- pharmacogénétique : analyse de la variabilité individuelle afin de tendre vers une meilleure adaptation des prescriptions
- génomique structurale (identification de nouvelles cibles par comparaison structurale avec des cibles actuelles ; corrélation du polymorphisme et de la structure des cibles ; conception virtuelle à terme de médicaments) ;
- génomique fonctionnelle (sélection de gènes par comparaison des données d'expression ;établissement de la fonction des gènes (knock in et out).

=> **la pharmacogénomique** étudie les effets d'un médicament sur le génome (académie des sciences, 1999)

- identification dans un profil de transcriptome des gènes qui peuvent être caractéristiques des effets d'une molécule ;
- identification de groupe(s) spécifique(s) de gènes exprimés permettant de distinguer différentes classes de composés thérapeutiques et d'identifier la classe de composé ayant le meilleur profil d'activité (efficacité).

Ces études permettent par ailleurs d'évaluer l'innocuité des composés actifs en compléments de tests animaux (Mattei 2001)

Étudie les effets d'un médicament sur le génome et constitue une stratégie puissante pour comprendre la maladie et caractériser les réactions biologiques aux médicaments du point de vue de l'efficacité mais aussi de la toxicologie, ainsi que pour identifier les différences entre tissus normaux et anormaux

Impact sur le processus de découverte des médicaments :

- identification de la cible ;
- optimisation de la molécule (comprendre et modifier les structures chimiques initiales pour en faire des médicaments) ;
- prévision de la toxicologie.

## Evaluation de l'innocuité (Mattei, 2001)

Recherche de méthodes plus rapides et plus rentables que les travaux sur les animaux.

Test sur 2 espèces permettent d'identifier 70% de l'ensemble des toxicités cliniques, sur 1 animal 40% (avec que des rongeurs).

Possible de remédier à certaines lacunes inhérentes aux procédures d'évaluation de l'innocuité en appliquant la génomique à certains aspects des tests de toxicologie :

- observation des effets de toxines au niveau des gènes en établissant le profil d'expression du transcriptome ;
- création de banques d'expression spécifiques à la toxicologie.

Objectif : identifier les ensembles de gènes associés à un type particulier de toxicité, puis de cribler de nouveaux composés au début de la phase de développement afin d'éliminer ceux qui présentent des signes de toxicité potentielles.

Permettrait un criblage rapide de nombreux composés par les modèles cellulaires, limitant la progression dans les essais du nombre de composées problématiques => diminution des coûts, augmentation de l'efficacité du processus de développement des médicaments => diminution des essais sur les animaux et le nombre de composés aux effets indésirables.

Application en agriculture (Académie des sciences, 1999)

Jonction entre génomique et l'amélioration des plantes :

- utilisation des informations obtenues sur les génomes modèles (*Arabidopsis* ou *Oryza*) afin d'identifier des gènes de grande importance agronomique chez les plantes cultivées (ex gène Rht chez le blé responsable du nanisme, gène de qualité organoleptique chez la tomate, gène déterminant la douceur des fruits chez la pêche, gène d'adaptation à la sécheresse chez le maïs, ...).

Cerne les objectifs agroalimentaires ou de l'élevage : optimiser les rendements de production tout en limitant les nuisances sur l'environnement

### **Agrochimie : (Académie des sciences, 1999 ; Mattei, 2001)**

visent une utilisation plus rationnelle, moins extensive, moins polluante des pesticides, fongicides, herbicides en tirant parti d'une meilleure connaissance de leur mode d'action au niveau des cibles génétiques  
Objectif détruire les insectes nuisibles et les infections dans les cultures.

- identification des gènes présents dans l'agent pathogène ou le parasite mais pas dans le végétal afin de créer des toxines sélectives contre l'infection ou l'infestation ;
- compréhension de la génomique et de la génétique d'autres espèces dont l'espèce humaine afin de s'assurer que ces gènes sont exclusivement liés au parasite.

### **Science vétérinaire et santé animale (Mattei, 2001)**

- meilleure compréhension des maladies de ces animaux ;
- des effets des parasites ;
- effets des médicaments ;
- perspective de manipulations génétiques visant à modifier les phénotypes.

### **L'industrie alimentaire (Mattei, 2001)**

- identification du génome des végétaux cultivés ;
- identification de gènes générant des attributs positifs ;
- débouche sur les aliments fonctionnels ie aliments susceptibles de favoriser certains paramètres physiologiques chez le consommateur ;

- détermination des effets de certains aliments (ex compléments alimentaires) sur l'organisme.

### **La cosmétologie (Mattei, 2001)**

- connaissance fonction et structure de la peau ;
- compréhension des changements pathologiques de la peau sous l'effet du soleil ;
- tests d'innocuité.

### **Le contrôle de l'environnement et de l'écologie (Mattei, 2001)**

- application du profil d'expression du transcriptome pour déterminer l'effet des différentes concentrations de polluants sur les humains, les animaux, les végétaux ;
- compréhension de l'effet de l'agent sur l'ensemble du système biologique.

### **Utilisation du polymorphisme génétique dans les champs judiciaire, historique (Gros, 2003 ; Auffray, 1996)**

La comparaison des données génétique permet d'identifier un individu, d'établir des filiations.

Point de réflexion :

- contrôle de la qualité des tests afin de réduire le risque d'erreur lors des procédures expérimentale sou de l'interprétation des résultats ;
- conséquence de la constitution de fichiers ;
- confidentialité, information des personnes testées.

## Génomique et post-génomique dans le champ industriel (Mattei 2001)

Les applications de la génomique dans l'industrie sont très diversifiées, mais dans tous les cas, la clé du succès réside dans l'établissement de plateformes technologiques appropriées et d'infrastructures de gestion des données associées capables de couvrir la totalité du génome et disposant d'un haut débit pour la génération de données.

Génération de ces données => capacité de stockage considérables (centaines de terabits) et une analyse des données rapide et logique.

La bio-informatique (informatique appliquée à la biologie) s'est rapidement développée pour fournir des outils informatiques permettant de traiter à la fois le contenu des données numériques et l'information associée sous forme de texte, ce qui permet des interprétations biologiques à partir des chiffres (Persidis, 1999).

## Impact du développement de la génomique sur le tissu industriel (Auffray, 1996)

= maillon important du processus de transfert des technologies de la biologie moléculaire du milieu de la recherche fondamentale vers l'industrie  
Premier exemple de ce processus avec le génie génétique dans les années 70.

La plupart des réactifs (enzymes de restriction ou de modification de l'ADN, oligonucléotides de synthèses) qui avaient été laborieusement préparés par les laboratoires sont maintenant commercialisés par des sociétés spécialisées qui fournissent également les laboratoires hospitaliers de diagnostic et les industriels de la pharmacie.

Génie génétique a été à l'origine d'une myriade de petites sociétés.

Phase intense de multiplication au cours des années 80.

La plupart disparaissent faute d'obtenir des résultats économiques satisfaisants,

⇒ regroupement, rachat ;

⇒ seules quelques unes ont tiré profit de la commercialisation de nouveaux médicaments issus du génie génétique et sont devenues des sociétés pharmaceutiques.

Les années 90 : émergence d'une deuxième génération de société qui tentent de faire le pont entre les programmes d'analyse des génomes et l'industrie du médicament.

Développements importants dans la distribution des réactifs, de l'instrumentation ou du diagnostic génétique et une participation de plus en plus importante au projet génome humaine.

Cette participation s'explique en partie par le caractère industriel des méthodes de production des résultats de l'analyse des génomes et par le coût des recherches et leurs enjeux économiques.

#### Impact sur le financement de la recherche

= ce type de financement prend trop d'importance en favorisant des domaines particuliers où la demande immédiate de retombées pratiques justifie un investissement important, au risque de négliger des domaines pas à la mode  
autre risque = détournement des laboratoires de leur vocation et de leur mission d'acquisition des connaissances fondamentales.  
à terme risque de tarir source des découvertes et des innovations qui sont à la base même du processus.

⇒ recherche d'un équilibre qui respecte la spécificité et la vocation et les compétences de chaque partenaire

Estimation de la valeur actuelle et prévisionnelle du génome humain / nombre de dépôts de brevets concernant les données génomiques.

En termes financiers, la valeur estimée de la génomique (produits et service) était de 2.2 milliards de dollars en 1999, pour atteindre, selon les estimations (Schneider, 2000) 8.4 milliards en 2004.

Développement exponentiel de la génomique et de ses applications lors des 10 dernières années, en collaboration et en parallèle avec le PGH et la myriade d'autres projets de séquençage du génome apparus et portant sur des organismes inférieurs.

Breveter le vivant : (Auffray, 1996)

Afin d'assurer la rentabilité de leurs investissements, industries ne s'engagent dans partie coûteuse qui va du développement à la commercialisation que nanties de droits de propriétés industrielles et intellectuelles.

Invention doit répondre aux critères de nouveauté, d'inventivité (pas simple découverte d'un phénomène ou d'un objet existant dans la nature) et d'application industrielle ou d'utilité (une application pratique au moins doit avoir été démontrée, et les modalités de mise en œuvre fournies).

Brevets concernant les méthodes de biologie moléculaire comme le clonage, la réaction de PCR ou utilisation de marqueurs fluorescents servant au séquençage de l'ADN.

= base pour le développement de sociétés utilisant le génie génétique et produisant des tests de diagnostics génétique ou des instruments de laboratoire

Multiplication de brevets ayant trait aux inventions dérivant des connaissances sur la structure des gènes et des protéines codées et visant à la production de protéines recombinantes à visées thérapeutiques.

Séquence = élément de description d'objets qui existent en tant que tels dans la nature et ne sont pas brevetables.

Si leur découverte leur confère le caractère de la nouveauté dans le champ des connaissances ; l'utilisation de techniques établies implique l'absence d'innovation.

Expression d'une protéine recombinante par GG ou clonage d'un gène sont considéré comme innovation au début et ne le sont plus dès lors que techniques deviennent d'utilisation courante.

Chaque amélioration significative du processus de production ou des propriétés de la protéine recombinante peuvent être considéré comme une nouvelle invention :

⇒ généralisation de demande de brevet incluant des revendications aussi larges que possibles couvrant toutes les applications et améliorations imaginables sans que la preuve de leur mise en pratique soit apportée ;

Face à l'impossibilité de s'arroger monopole sur l'information génétique et son utilisation par droit des brevets, certaines sociétés génomiques, garde leurs résultats secrets et monnaient l'accès à leur base de données ou en revendiquant un droit de regard et d'exploitation sur toute invention dérivée de la consultation.

**Problèmes** : (Site INAPG)

Les risques liés aux brevets sont à considérer à l'échelle mondiale :

- perte de débouchés pour les pays du Tiers Monde ;
- distorsion de concurrence ;
- blocage de la recherche ;
- mainmise des Etats-Unis sur les développements commerciaux des biotechnologies.

Le fait qu'il n'existe encore pas de coordination au niveau international apparait, comme nous le constatons avec les remarques ci-dessus, comme un problème important.

Pourquoi aurait-on le droit de breveter les microorganismes plus que les végétaux ou les animaux?

A-t-on le droit de breveter un gène ou un morceau de gène alors qu'on ne connaît pas encore parfaitement ses fonctions et applications possibles (problème posé par le brevetage des séquences partielles d'ADNc).

Les gènes des OGM sont considérés comme brevetables. N'est-il pas inquiétant de ne pas pouvoir, par conséquent, y avoir librement accès ?

Ce qui était considéré comme une prouesse technique au début de l'attribution des brevets et COV est maintenant communément utilisé (séquençage d'un gène, par exemple). Doit-on donc encore récompenser par un brevet les personnes qui ne font qu'utiliser ces techniques maintenant "de routine".

L'office des brevets américains distribue les brevets sans étudier très précisément les dossiers. Or on dispose certes de recours si l'on désire contester un brevet, mais cela est très coûteux et donc réservé aux plus riches (grandes firmes ou à la rigueur ONG, pour aider les pays du Tiers Monde). Il est donc en pratique difficile de revenir sur l'obtention d'un brevet.

Doit-on autoriser aujourd'hui le brevetage du contenu des banques publiques de gènes?

Pour un même gène il est possible d'obtenir plusieurs brevets, correspondant à ses différentes séquences partielles, détenus par des sociétés différentes !

Comme l'évoque Philippe Marlière, président du conseil d'administration d'Evologie SA (Evry, Essonne), ne vaudrait-il pas mieux récompenser la mise au point d'applications qui découlent de la découverte d'un gène, ou d'un processus de régulation...que l'objet même de la découverte (qui n'est pas à proprement parler une invention) ?

**Tableau 36 :** Caractérisation partielle des pratiques en production industrielle et agricole (recherche et développement et production)

Pratiques en production industrielle et agricole (recherche et développement et production)	finalités	à terme de rationaliser la production de nouvelles molécules
	<p><b>Ressources matérielles et intellectuelles issues des approches structurales de la génomique et de la protéomique</b></p>	<p>L'utilisation de banques de séquences et de données d'expression permettent de repérer de nouvelles cibles thérapeutiques. Les nouvelles techniques de modélisation de molécules assistée par ordinateur, la conception d'analogues de synthèse de ces molécules, et la conception de tests de sélection à haut débit de ces nombreux analogues permettent de passer au "crible" de l'efficacité thérapeutique, sur une cible donnée, de très nombreuses molécules candidates en un temps record</p> <p>Approche moléculaire</p>
	<p><b>Finalités des pratiques de pharmaco-génétique</b></p>	<p><b>D'augmenter leur efficacité et de diminuer les risques « toxiques »</b>, adapter les médicaments à la variabilité individuelle de chacun</p>
	<p><b>Ressources matérielles et intellectuelles</b></p>	<p>Corrélation du polymorphisme d'un individu déterminé par génotypage avec la sensibilité, la toxicité, la résistance à tel médicament ou avec la probabilité de développer telle ou telle maladie.</p>
	<p><b>Finalités des pratiques de biotechnologies</b></p>	<p><b>identification de nouveaux gènes d'intérêts utilisables pour la transgénèse afin fabriquer de nouveaux médicaments</b></p> <p><b>d'identifier et de localiser des gènes d'intérêt, qui pourront être ensuite utilisés par transgénèse</b></p>

		<p><b>exemple en agro-alimentaire :</b> gènes d'intérêts agronomique (comparaison et croisement de banques de données) utilisés par transgénèse pour améliorer des variétés de plantes cultivées</p> <p><b>comprendre le mode d'action des pesticides, fongicides ou herbicides au niveau des cibles génétique</b></p> <p><u>Exemple en agro-chimie</u>, une meilleure connaissance des modes d'action au niveau des cibles génétiques des pesticides, fongicides ou herbicides devrait permettre une utilisation plus rationnelle, moins extensive et donc moins polluante.</p> <p>Mitigés</p> <p>Des succès : production facteur VIII, production de nouvelles variétés végétales</p> <p>Mais risques sur les OGM obtenus par transgénèse sont mal évalués</p> <p>Une analyse des perspectives de développements scientifiques, industriels ou médicaux à la lumière de la vision globale du vivant amène à questionner leur pertinence : une prédisposition à une maladie est-elle détectable par un gène ? la résistance à la sécheresse, est-il un caractère dont nous connaissons les bases génétiques ? la prévention génétique est-elle possible ? les gènes sont-ils tous actifs ? leur rôle ne dépend-il pas du milieu ? (et les avons-nous tous identifiés ?) comment les gènes évoluent-ils au cours de notre vie ?, quels sont les effets de la pollution ? de nouveaux gènes peuvent-ils se former en nous ? créons-nous une pollution génétique ?</p> <p><b>Organisation de ces</b> interaction entre la recherche fondamentale et l'industrie. (Auffray, 1996)</p> <p>Des sociétés pharmaceutiques financent souvent les organismes publics de recherche en</p>
<p><b>Finalités de pratiques fonctionnelles</b></p>		
<p><b>résultats</b></p>		
<p><b>problèmes</b></p>		
<p><b>Organisation de ces</b></p>		

<p>génomique et en post-génomique (coût élevé de ces recherches malgré les économies d'échelle réalisées) en échanges notamment d'une priorité pour la valorisation des résultats de la recherche (Transformation des découvertes fondamentales et des innovations techniques en applications pratiques, utiles pour la santé).</p>	<p><b>industries</b></p>
---	--------------------------

**Tableau 37:** Exemple de caractérisation des pratiques judiciaires (s'appuyant sur les tests génétiques)

finalités	Judiciaires, politiques
résultats	<p>Identification d'un individu par son ADN</p> <p>Etablissement de filiations par l'ADN</p>
Ressources matérielles	<p>Génotypage,</p> <p>Comparaison d'ADN ??</p>
Problèmes à résoudre :	<p><i>risque d'erreur aussi bien lors des procédures expérimentales ou interprétation des résultats d'identification à partir de données génétique nécessite de contrôler la qualité des laboratoires, d'établir des probabilités</i></p>
enjeux	Statut de la preuve ADN

**Tableau 38** : Caractérisation des différentes périodes du point de vue des relations sciences et société. (D’après Bonneuil, 2004)

Période :	Caractérisation des relations sciences/ citoyen/ monde politique
<p><b>Trente glorieuses</b> <b>1944-1968</b></p>	<p><b><u>La société du progrès</u></b></p> <p>Volonté de modernisation du pays par un Etat éclairé par les sciences intervenant dans les champs économiques et sociaux</p> <p>Foi profonde dans la science et la technique</p> <p>Société civile adhère à l’impératif de modernisation par les institutions scientifiques</p> <p>Vision favorable de l’avenir</p>
<p><b>Décennie post-68</b></p>	<p><b><u>Le progrès questionné</u></b></p> <p>Critique de la linéarité de la relation entre technologie, croissance et bien-être</p> <p>Nouvelle génération de chercheur questionne et politise la science et lui refuse toute prétention à un quelconque point de vue supérieur et neutre sur le monde</p> <p>Des questions qualifiées de techniques sont désormais construites dans l’espace public comme enjeux de société</p>
<p><b>Années 80</b></p>	<p><b><u>Le retour de l’état et des certitudes</u></b></p> <p>S’effectue notamment au détriment de l’ouverture vers la société civile</p> <p>JP Chevènement estime la République menacée par la conjonction de la crise économique et d’un certain obscurantisme, il veut enrayer le mouvement anti-science.</p> <p>Les décideurs politiques français s’en tiennent à un cadrage pédagogique de la relation sciences et société :</p> <p>Selon une approche linéaire descendante, l’état s’engage dans une entreprise de diffusion de la culture scientifique technique et industrielle vers un public dont la distanciation vis-à-vis du progrès est attribuée à un déficit de connaissance scientifique.</p> <p>« [...] le paradigme de la lutte de l’antiscience par la culture scientifique s’appuyait sur une analyse erronée en ce qu’il situait la</p>

	source des résistances au progrès dans un déficit de connaissance plutôt que dans un désir de participation » (Bonneuil, 2004, p.24)
<b>1990-</b>	<p><b><u>La recherche entre marché et « citoyens » dans la société du risque</u></b></p> <p>Profonds changements entre science et société :</p> <p>1- <u>mondialisation</u> : le marché pilote une part croissante de la recherche, s'effectue dans des cadres moins disciplinaires, plus liées aux contextes d'usage</p> <p style="padding-left: 40px;">⇒ déclin du technicien/ financier, commerciaux, communiquant</p> <p>2- <u>irruption de la question du risque</u></p> <p>=&gt; distanciation / progrès</p> <p>3- <u>implication accrue des profanes</u> dans la recherche et l'innovation (déclin de l'état, élévation du niveau scolaire, nouvelles demandes aux choix de technosciences, montée du risque)</p> <p>=&gt; mobilisation et initiative citoyennes</p>

**Tableau 39:** Caractérisation des pratiques citoyennes

<b>Pratiques citoyennes</b>	<b>finalités</b>	Se former une opinion, participer à un débat, aux décisions concernant les questions de techno-sciences
	<b>Questions qui se posent dans la sphère publique</b>	<b><u>Tableau 27</u></b> de la partie III
	<b>Pour chaque question les différentes dimensions du débat</b>	<u>Exemple pour la transgénése</u> : <b><u>tableaux 28, 29 et 30</u></b> de la partie III <u>Exemple pour les brevets</u> : <b><u>tableau 40</u></b> des annexes de la partie III
	<b>Ressources intellectuelles et matérielles</b>	Des connaissances doivent être mobilisées pour comprendre (compétences cognitives), les valeurs mises en jeu doivent être explicitées (compétences éthiques), les techniques de débat et d’argumentation doivent être maîtrisées (compétences sociales) La nature de la science, le mode de construction des savoirs, la place du chercheur sont par ailleurs à comprendre (compétences épistémologiques).
	<b>Les relations entre état, sciences et société</b>	<b><u>Tableau 38</u></b> des annexes de la partie III
	<b>Mode d’organisation</b>	Collectif et distribué  Comités d’éthiques à différentes échelles (locale à internationale)

**Tableau 40:** recensement de quelques arguments employés dans le débat des brevets sur le génome

arguments	explicitation
<p><b>arguments ontologique</b></p>	<p>être humain parce qu'il est une personne porteuse de dignité, ne peut faire l'objet de commerce, et c'est la raison pour laquelle les organes, les tissus, les cellules ne sont pas commercialisables et ne rentrent pas dans les termes du marché habituel.</p> <p>Le gène étant la plus petite partie constitutive de l'individu, ne peut, être traité différemment et entrer directement ou indirectement dans une logique commerciale Mattei (2001)</p> <p>Dimension collective : gènes humains constituent un patrimoine commun de l'humanité, sont la copropriété des humains dans la mesure où de génération en génération, ils se transmettent et se partagent au sein de familles et de populations.</p> <p>Appartenant à tout le monde personne ne peut s'arroger le droit d'en revendiquer l'appropriation exclusive. (à étendre à l'ensemble du vivant) Mattei (2001)</p>
<p><b>Arguments liés à la recherche</b></p>	<p>Argument économique :</p> <p>extension du système de brevets aux séquences d'ADN justifiée par le souci d'encourager les investissements de recherche mais effets pervers : chercheurs ont besoin d'avoir accès librement à la connaissance pour des recherches fondamentales ou pratiques.</p> <p>En toile de fond : problème de la complémentarité recherche privée recherche publique Mattei (2001)</p> <p><b>Argument conceptuel</b></p> <p><b>Complexification du débat sur la brevetabilité du génome :</b><sup>6</sup></p> <p>La nouvelle vision rend le débat sur la brevetabilité du génome plus délicat. Si le concept de gène est une construction</p>

<sup>6</sup> Morange, Michel. – Déconstruction de la notion de gène. In : Fabre-Magnan, Muriel, Moullier, Philippe. La génétique, science humaine. – Paris : Belin, 2004b. – p. 104-119

	<p>scientifique (interprétation en termes de structure et de fonction) alors l'argument de la non brevetabilité des gènes car découverte d'une réalité et non invention ne tient plus. Cet argument n'est plus valable que pour l'ADN et à sa séquence brute de nucléotides. Par ailleurs la vision constructiviste de la science rend les notions de savoir, de découverte plus complexes. (Morange, 2004b)</p>
<b>Arguments industriels</b>	<p>Est-il raisonnable de vouloir s'arroger le monopole d'une matière première naturelle qui plus est humaine ?  Les industriels qui auraient acquis un brevet sur 1, 2 voire 3% des gènes, s'obligeraient à payer pour accéder à tous les autres Mattei (2001)</p>
<b>Arguments liés au développement durable</b>	<p>Risque d'exploitation des ressources génétiques des pays du sud à leur détriment comme dans le passé pour les plantes et semences par des firmes industrielles du monde occidental qui se les sont appropriées par brevet</p>

**Tableaux 41 :** Caractérisation de pratiques contribuant à mieux appréhender les pratiques sociales relevant de la génomique et de la post-génomique : pratiques de biologie moléculaire (41.a) et de génie génétique (41.b) « classique »

**Tableau 41.a :** Caractérisation de pratiques contribuant à mieux appréhender les pratiques sociales relevant de la génomique et de la post-génomique : la biologie moléculaire classique et une biologie moléculaire s'inscrivant dans la nouvelle vision

<p><b>Biologie moléculaire</b></p> <p>« Elle est l'ensemble des techniques et des découvertes qui ont permis l'analyse moléculaire des processus les plus intimes du vivant, de ceux qui en assurent la pérennité et la reproduction. » (Morange, 1994, p.5)</p> <p><b>Essor de 1940 à 1965</b></p> <p><b>Site fmr : <a href="http://www.fmr.org">http://www.fmr.org</a></b></p>	<p><b>Problématique</b></p>	<p>Déterminer la base physique de conservation et de transmission des caractères héréditaires, (Lacadena, 2001)</p> <p>Perception du vivant comme réservoir et transmetteur d'information</p> <p>Nouvelle biologie moléculaire changée par le génie génétique : est devenue une lecture du vivant</p> <p>L'ADN et son rôle dans la synthèse des protéines</p> <p><b><u>Nouvelle biologie moléculaire</u></b> : le texte du génome</p> <p>Support des gènes = ADN (1944)</p> <p>Structure de l'ADN (1953)</p> <p>Réplication de l'ADN</p> <p>Expression : ARN, protéine, transcription, traduction, code génétique (1960)</p> <p>Dogmes de la biologie moléculaire</p>
--	-----------------------------	---

<p><u>Remise en question des dogmes de la biologie moléculaires</u></p> <p>Gènes en mosaïque</p> <p>code génétique différents pour le génome mitochondrial</p> <p>phénomène d'édition</p> <p>réarrangement génétique pour les gènes codant pour les IG dans les LB et à ceux codant les récepteurs dans les LT cellules du SI</p> <p><b><u>nouvelle biologie moléculaire</u></b> :</p> <p>structure du texte du génome : régularité, répétitions, ressemblances ⇔ identification de famille de protéines de structures proches</p> <p>détermination de la fonction de protéines dont ne connaît existence que par le gène</p> <p>relation de parenté entre protéines</p> <p>conception modulaire du génome (séquence activatrice)</p> <p>régulation résulte non plus de quelques protéines très spécifiques mais de la combinaison d'un grand nombre de protéines activatrices peu spécifiques</p>	
	<p><b><u>Expériences historiques</u></b> :</p> <p>Relation un gène une enzyme (1941 : Beadle et Tatum)</p>
	<p><b>Méthodologies/ techniques</b></p>

<p>ADN constituant des gènes (1944 : Avery, MacLeod, McCarty)</p> <p>La découverte de la double hélice (Watson et Crick, 1953)</p> <p>Démonstration du modèle semi-conservatif de réplication de l'ADN (Meselson et Stahl, 1957)</p> <p>Découverte de l'ARNm (Jacob et Monod, 1960)</p> <p>La régulation génétique (Jacob et Monod, année 60)</p> <p><b><u>technique</u></b> (Cf dossier Access : site INRP)</p> <p><b>Préparer les acides nucléiques</b> : extraction de l'ADN, ARN, purification, dosage et conservation ;</p> <p>Suivre les molécules et activités biologiques : marquage des sondes, autoradiographie ;</p> <p>Séparer les acides nucléiques, mesurer leur taille : électrophorèse, centrifugations</p> <p>Amplifier une séquence d'ADN : PCR</p> <p><b>Détecter spécifiquement les acides nucléiques</b> : southern, northern, dot blot, hybridation in situ, RFLP</p> <p><b>Déterminer des séquences nucléiques et protéiques</b> : le séquençage : hybridation</p>		
---	--	--

<p>moléculaire, southern, northern, western Blot, méthodes de Sanger, Maxam et Gilbert</p> <p><b>Sélectionner et produire un ADN particulier</b> :clonages ADNc et génomique, construction de banques, utilisation de vecteurs/ construction, PCR</p> <p>Cf dossier Access : outils de la biologie moléculaire (BM)</p> <p>Des enzymes : ADN polymérase, ARN polymérase, phosphatases, T4 polynucléotide kinase, ligases, desoxyribonucléase, ribonucléase</p> <p>Des vecteurs : plasmides, cosmides, yacs, virus, liposomes</p> <p><b><u>Des organismes modèles pour la génomique</u></b> : <i>escherichia coli</i>, <i>saccharomyces</i>, <i>caenorhabditis</i>, <i>arabidopsis</i>, <i>drosophila</i>, <i>mus</i></p> <p><b><u>Nouvelle biologie moléculaire</u></b> = science d'intervention/ science expérimentale au niveau moléculaire modifie le texte du vivant, compréhension de la fonction des différentes parties des protéines, recherche effet modification moléculaires sur l'organisme entier suite insertion d'un gène ou inactivation</p>	
--	--

**Tableau 41.b :** Caractérisation de pratiques contribuant à mieux appréhender les pratiques sociales relevant de la génomique et de la post-génomique : le génie génétique

<p><b>Génie génétique</b></p> <p><b>Emergence entre 1972 et 1980</b></p> <p><b>Morange (1994)</b></p> <p><b>Tiollais &amp; Houdebine (2000)</b></p>	<p><b>Problématique</b></p>	<p>Recherche fondamentale (isolement et caractérisation des gènes des organismes supérieurs, études de leur organisation et de leur régulation)</p> <p>Applications potentielles bénéfiques (synthèse de produits d'origine humaine par des cellules bactériennes, modifier les plantes, corriger les défauts génétiques de l'homme)</p>
	<p><b>Objet d'étude</b></p>	<p>Recombinaison génétique inter spécifique</p>
	<p><b>Concepts/ résultats</b></p>	<p>Réalisation de recombinaison génétique Cartographie de l'ADN ie cartographie des sites de restriction sur l'ADN</p> <p>Cartographie physique de l'ADN</p> <p>découverte de la structure morcelée des gènes</p> <p>mise en évidence du réarrangement génétique dans les cellules du SI</p> <p>démonstration que le code génétique n'est pas universel</p> <p>transformation BM par la pratique du génie génétique :</p> <p>isolement des gènes et décodage de leur séquence</p> <p>étude du fonctionnement des gènes par construction et transfert de gènes</p>

	<p>synthèse du produit de gènes d'organismes supérieurs par des bactéries</p> <p>expériences de génétique inverse : création de plantes, d'animaux transgéniques</p> <p>application au diagnostic précoce des maladies génétiques</p>
<p><b>Méthodologies/ techniques</b></p>	<p>recombinaison in vitro des molécules d'ADN, les techniques de clonage</p> <p>- utilisation des <b>enzymes de restriction</b> (Arber, 1960-1965)</p> <p>Méthodes de cartographies et de séparation des fragments d'adn</p> <p>Méthodes d'amplification (PCR ?)</p> <p>Enzymes de restriction en nombre croissant</p> <p>Electrophorèse, hybridation</p> <p>Vecteurs plus performant</p> <p>Technique de séquençage de l'ADN</p>

	<p>Expérience : 1972 première recombinaison génétique d'ADN d'origines différentes (p.243, MM, 1994)</p> <p>Possibilité d'isoler des gènes, de les introduire dans un autre génome, d'amplifier ces gènes, de les faire s'exprimer</p> <p>Outils</p> <p>Effectuer des recombinaisons génétiques</p> <p>Enzyme de restriction/ ligase, exonucléase, polymérase, terminal transférase (MM, p.243, 1994)</p> <p>Vecteurs (virus (phage, SV 40), plasmide) et les <b>systèmes de clonage</b> (E.coli, Bacillus subtilis, levure)</p> <p><b>Amplifier les gènes</b> (PCE, Polymerase Chain Reaction)</p> <p>Isoler les gènes + synthèse chimique de gène</p> <p>soit en remontant des protéines (forte synthèse) aux gènes en purifiant les ARN m, synthèse d'ADNc par transcriptase inverse puis intégration dans un plasmide, soit par une technique de clonage (si protéine peu abondante), construction d'un banque d'ADNc, dans laquelle recherche le gène en question par hybridation moléculaire</p> <p>(= localiser des gènes spécifiques hybridant des sondes marquées avec leurs</p>
--	---

<p>séquences complémentaires dans l'ADN original)</p> <p>(= couper la molécule d'ADN à l'endroit voulu grâce à des ciseaux enzymatiques, tels que les endonucléases de restriction)</p> <p>Détermination de la séquence des bases des gènes : Méthodes de séquençage</p> <p>Mutations de gènes isolés, construction de gènes fonctionnels, transfert de gènes dans les cellules ou des organismes entiers pour observer ou exploiter organismes modifiés</p> <p>Mise au point de banques d'expression</p> <p>Synthèse de molécule + stables que les naturels (oligonucléotides de synthèses) molécules synthétiques....</p>		
---	--	--

**Tableaux 42 :** Caractérisation de pratiques contribuant à mieux appréhender les pratiques sociales relevant de la génomique et de la post-génomique : pratiques de recherche s’inscrivant dans la nouvelle vision : pratiques articulant biologie moléculaire et physiologie (42.a) et pratiques articulant biologie moléculaire et embryologie (42.b)

**Tableau 42.a :** Caractérisation de pratiques de recherche s’inscrivant dans la nouvelle vision : Pratiques de recherche articulant des pratiques de recherche en biologie moléculaire et des pratiques en physiologie (Stewart, 2004)

<b>Pratiques articulant génétique et physiologie</b>	<b>Problématique</b>	Recherche de l’arbre généalogique des causes différentielles reliant une différence génétique(s) à une différence phénotypique (en traversant les différents niveaux d’organisation)
	<b>Objet d’étude</b>	Phénotypes à différents niveaux d’organisation
	<b>Concepts/ résultats</b>	Description des phénotypes à différents niveaux d’organisation  Etablissement d’un réseau de causes menant de différences génotypiques à des différences phénotypiques ;  Identification de gènes impliqués dans des maladies multifactorielles ?
	<b>Méthodologies/ techniques</b>	Analyse physiologique « up to bottom » articulée à une analyse génétique « bottom up »

**Tableau 42.b :** Caractérisation de pratiques de recherche s’inscrivant dans la nouvelle vision : Pratiques de recherche articulant des pratiques de recherche en biologie moléculaire et des pratiques en embryologie (Stewart, 2004)

<p><b>Pratiques articulant génétique et embryologie (analyse systémique)</b></p> <p><b>pratiques de génétique du développement (ère du « tout génétique »)</b></p>	Problématique	<p><b>Ere du « tout génétique » :</b> étude de l’activation des gènes dans les différents tissus aux différents stades du développement</p> <p><b>Analyse systémique :</b> Recherche l’arbre généalogique des causes différentielles qui se déploie au cours du temps et expliquant comment des différences génotypiques peuvent conduire à des différences génotypique lors du développement</p> <p>Expliquer la variation dans un phénotype principal</p>
	Objet d’étude	<p>La morphogénèse</p> <p><b>Ere du « tout génétique » :</b> cascade d’évènements moléculaires jusqu’à ses effets sur l’expression d’un gène</p> <p><b>Analyse systémique :</b> Le développement/ le phénotype morphologique ?</p>
	Concepts/ résultats	<p><b>Ere du « tout génétique » :</b></p> <p>Gènes homéotiques : identification du moment temporel et de la localisation spatiale où se dessinent les différences</p> <p><b>Analyse systémique :</b> Paysage épigénétique; Phénocopie</p>
	Méthodologies/	<p><b><u>Ere du “tout génétique” :</u></b></p>

	techniques	<p>Mutation génétique</p> <p><b><u>Approche descendante ou up to bottom articulée à une approche ascendente</u></b></p> <p>Intérêt de la mutation génétique/ phénocopie = précision et fiabilité pour identifier le moment et le lieu d'une différence dans la morphogénèse</p> <p>Embryologie prend le relais pour ramener ces différences à des mouvements de cellules, puis à leurs propriétés physiques, puis à des différences de métabolismes que l'on pourra ramener à des différences génétique</p> <p>L'analyse « up to bottom » est ici une analyse causale qui consiste à remonter le temps</p>
--	------------	--



## **ANNEXES PARTIE IV**

**Tableau 43** : Vision synoptique des différentes parties du programme de SVT de collège (6<sup>ème</sup> à la 3<sup>ème</sup>) : *les thèmes présentant des éléments de génétique sont surlignés en jaune ou en italique*

niveau	thématiques
6 <sup>ème</sup> :	Partie I- Notre environnement I- Les caractéristiques de notre environnement II- Diversité, parents et unité des êtres vivants
	Partie II- L'organisation du monde vivant I- Le peuplement d'un milieu II- Les relations alimentaires
	Partie III- Des pratiques au service de l'alimentation humaine. I- Un élevage ou une culture II- Une transformation biologique
Cycle central	A. Fonctionnement du corps humain et santé
	B. La transmission de la vie chez l'Homme
	C. Des êtres vivants dans leur milieu
	D. La Terre change en surface
	E. La « machine Terre »
	F. Histoire de la vie, histoire de la Terre
3 <sup>ème</sup>	<i>A- Unité et diversité des êtres humains</i>
	B- Protection de l'organisme
	<i>C- Fonctionnement de l'organisme, activité des cellules et échanges avec le milieu</i>
	D- Relations à l'environnement et activité nerveuse
	<i>E- Responsabilité humaine : santé et environnement</i>

**Tableau 44** : Vision synoptique des différentes parties du programme de SVT de 2<sup>nde</sup> à TS :  
*les thèmes présentant des éléments de génétique sont surlignés en jaune ou en italique*

niveau	Partie
2 <sup>nde</sup> SVT	La planète Terre et son environnement
	Biologie :  I- L'organisme en fonctionnement  II- <i>Cellule, ADN et unité du vivant</i>
	<b><u>Thèmes au choix</u></b>
1 <sup>ère</sup> ES Enseignement scientifique	<b><u>Thèmes initialement obligatoires</u></b>  Communication nerveuse  <i>Du génotype au phénotype, applications biotechnologiques</i>  procréation
	<b><u>Thèmes au choix :</u></b>  Alimentation, production alimentaire, environnement  <i>Une ressource naturelle : le bois</i>  Une ressource indispensable : l'eau  <i>Place de l'homme dans l'évolution</i>
1 <sup>ère</sup> L Enseignement scientifique	<b><u>Thèmes initialement obligatoires communs aux deux disciplines</u></b>  - représentation visuelle du monde  - alimentation et environnement
	<b><u>Thème au choix en SVT :</u></b>  - procréation  <i>- du génotype au phénotype, applications biotechnologiques</i>  <i>- place de l'homme dans l'évolution</i>
	<b><u>Thèmes au choix en sciences de la matière (physique chimie)</u></b>  - enjeux planétaires énergétiques

	- physique et chimie dans la cuisine
<b>1<sup>ère</sup> S</b> <b>SVT</b>	<p>SCIENCES DE LA TERRE</p> <p>Thème général : structure, composition et dynamique de la Terre</p> <hr/> <p>SCIENCES DE LA VIE</p> <p><b>THEME GENERAL : DES PHENOTYPES A DIFFERENTS NIVEAUX D'ORGANISATION DU VIVANT</b></p> <p><i>Du génotype au phénotype, relations avec l'environnement</i></p> <p><i>La morphogénèse végétale et l'établissement du phénotype</i></p> <p><i>La régulation de la glycémie et les phénotypes diabétiques</i></p> <p><i>La part du génotype et la part de l'expérience individuelle dans le fonctionnement du système nerveux</i></p>
<b>TS</b>	<p>I- ENSEIGNEMENT OBLIGATOIRE</p> <p>I.1 Introduction : approche du temps en biologie et géologie</p> <p><b>I.2 Parenté entre êtres vivants actuels et fossiles- Phylogénèse- Evolution</b></p> <p><b>I.3 Stabilité et variabilité des génomes et évolution</b></p> <p>I.4 la mesure du temps dans l'histoire de la Terre et de la vie</p> <p>I.5 La convergence lithosphérique et ses effets</p> <p>1.5.1. Convergence et subduction</p> <p>1.5.2. Convergence et collision continentale</p> <p><b>I.6 Procréation</b></p> <p><b>I.7 Immunologie</b></p> <p>I.8 Couplage des évènements biologiques et géologiques au cours du temps</p> <p>II- ENSEIGNEMENT DE SPECIALITE</p> <p>Thème 1- Du passé géologique à l'évolution future de la planète</p> <p>1- les climats passés de la planète</p> <p>2- les variations du niveau de la mer</p>

	Thème 2- Des débuts de la génétique aux enjeux actuels des biotechnologies
--	--

	Thème 3- Diversité et complémentarité des métabolismes
--	--

**Document 12** : corpus d'analyse du I de la partie IV

**Corpus d'analyse** : Les unités d'analyse sont présentées dans l'ordre du programme. Les titres des thèmes et éventuellement des sous-parties sont indiqués.

Pour chaque unité d'analyse explicitée :

- est indiquée dans la colonne la plus à gauche sa codification ;
- sont soulignés les éléments qui ont conduit à son codage dans la grille d'analyse ;
- est indiqué dans la colonne la plus à droite son codage dans la grille d'analyse.

**Tableau 45** : Corpus d'analyse et justification (mots soulignés) du codage des unités d'analyse pour la classe de troisième

<b>Codification</b>	<b>Unités d'analyse se rapportant à des éléments d'enseignement de génétique des SVT « en directives »</b>	<b>Codage</b>
<b>V-3.a</b>	« Il est centré sur l'Homme, à la fois dans son <u>fonctionnement comme organisme</u> et dans divers aspects de <u>ses interactions avec son milieu et son environnement</u> : [...] » « la partie A prévoit une présentation simple du <u>déterminisme génétique</u> , <u>interférant avec l'influence des conditions de vie</u> [...] »	1.5
	Thème : 3-A : A-Unité et diversité des êtres humains	
<b>V- 3-A.a</b>	permettre une première explication de l'unité de l'espèce et de l'unicité de chaque être humain grâce à l'introduction de la notion de <u>programme génétique</u>	1.6
<b>V- 3-A.b</b>	l' <u>influence des conditions de vie</u> sur l' <u>expression des caractères individuels</u> est soulignée à travers un ou	1.5

	deux exemples simples	
<b>V-3-A.c</b>	aborder le plus concrètement possible la <u>relation entre information génétique et chromosome</u> , l'existence d'une information génétique considérée comme identique dans toutes les cellules somatiques de l'organisme, la transmission de l'information génétique, la création de la diversité	1.6
<b>S-3-A-1.a</b>	3-A-1 : Chaque individu présente les <u>caractères de l'espèce</u> avec des <u>variations qui lui sont propres</u>	1.7
<b>S-3-A-1.b</b>	3-A-1 : C'est le résultat de l' <u>expression de son programme génétique</u> et de l' <u>influence des conditions de vie</u>	1.6/1.5
<b>S-3-A-1.c</b>	Les caractères qui se retrouvent dans les générations successives sont des <u>caractères héréditaires</u>	1.7
<b>A-3-A-1.a</b>	Classement des caractères présentés par un individu ( <u>caractères spécifiques et variations individuelles</u> )	1.7
<b>A-3-A-1.b</b>	Identification d'un <u>caractère héréditaire</u> à partir d'un <u>arbre généalogique</u>	1.7
<b>S-3-A-1.d</b>	Les <u>conditions de vie</u> peuvent modifier certains <u>caractères</u> . Ces modifications ne sont pas <u>héréditaires</u>	1.5 ?
<b>S-3-A-1.e</b>	Les <u>chromosomes</u> sont le <u>support du programme génétique</u>	1.6
<b>A-3-A-1.c</b>	Interprétations de <u>résultats d'expériences de transfert de noyaux cellulaires</u>	1.6 1.5
<b>S-3-A-1.f</b>	Toujours <u>présents dans le noyau</u> , ils sont facilement observables lors de la division cellulaire	1.7
<b>A-3-A-d</b>	<u>Observation microscopique de cellules montrant les chromosomes</u>	1.7
<b>S-3-A-1.g</b>	Les <u>êtres humains</u> possèdent <u>23 paires de chromosomes</u> , l'une d'elle présente des caractéristiques	1.7

	différentes selon le sexe	
<b>A-3-A-e</b>	Mise en <u>relation de la nature des chromosomes sexuels avec le sexe d'un individu</u>	1.7
<b>S-3-A-1.h</b>	Un <u>nombre anormal de chromosome</u> empêche le développement de l'embryon ou entraîne des anomalies chez l'individu concerné	1.7
<b>A-3-A-f</b>	Etude de <u>caryotypes présentant des anomalies chromosomiques</u> ; recherche d' <u>anomalies sur des caryotypes foetaux</u>	2.4
<b>S-3-A-2.a</b>	3-A-2 : Les <u>cellules de l'organisme</u> à l'exception des gamètes, possèdent les <u>mêmes chromosomes</u> que la cellule-œuf dont elles dérivent par division successives	1.7
<b>S-3-A-2.b</b>	La <u>division d'une cellule</u> est préparée par la <u>duplication</u> de chacun de ses 46 <u>chromosomes</u> ;	1.7
<b>S-3-A-2.c</b>	La <u>division d'une cellule</u> se caractérise par la <u>séparation des chromosomes</u> obtenus, chacune des deux cellules formées recevant 23 paires de chromosomes identiques à ceux de la cellule initiale	1.7
<b>A-3-A-2.a</b>	Observation de <u>vidéogrammes</u> afin de suivre l' <u>évolution des chromosomes</u> pendant la <u>division cellulaire</u>	1.7
<b>A-3-A-2.b</b>	Formulation d' <u>hypotheses</u> sur le mécanisme permettant le maintien du nombre de chromosomes lors de la division cellulaire	scolaire
<b>A-3-A-2.c</b>	Manipulation de maquette permettant de rendre compte de l' <u>évolution des chromosomes</u> lors de la division d'une cellule	scolaire
<b>S-3-A-3.a</b>	3-A-3 : Les <u>chromosomes</u> portent les <u>gènes</u> , unités d' <u>information génétique</u> qui déterminent les caractères héréditaires	1.7
<b>S-3-A-3.b</b>	A un <u>gène</u> correspondent des informations différentes pour un caractère : ce sont ses <u>allèles</u>	1.7

<b>S-3-A-3.c</b>	En général, dans une cellule, un gène existe en deux exemplaires, occupant la même position sur chacun des deux chromosomes d'une paire. Les cellules possèdent, pour un même gène, soit deux fois le même allèle, soit deux allèles différents	1.7
<b>S-3-A-3.d</b>	Dans ce dernier cas (deux allèles différents) les deux allèles peuvent s'exprimer ou l'un peut s'exprimer et pas l'autre.	1.7
<b>A-3-A-3.a</b>	Observation de cartes géniques de chromosomes d'une même paire	1.7
<b>A-3-A-3.b</b>	Mise en relation sur un exemple de l'information génétique et du caractère correspondant (groupes sanguins du système ABO...)	1.7
<b>S-3-A-3.e</b>	Chaque cellule possède l'ensemble du programme génétique de l'individu mais n'en exprime qu'une partie	1.6
<b>S-3-A-4.a</b>	3-A-4 : Chaque individu issu de la reproduction sexuée possède un programme génétique qui contribue à le rendre unique	1.7
<b>S-3-A-4.b</b>	Au cours de sa formation, chaque gamète reçoit au hasard un chromosome de chaque paire soit 23 chromosomes : les gamètes produits par un individu sont génétiquement différents.	1.7
<b>A-3-A-4.a</b>	Comparaison de l'équipement chromosomique du futur gamète à celui d'une autre cellule de l'organisme	1.7
<b>A-3-A-4.b</b>	Manipulation de maquette afin de rendre compte de l'évolution des chromosomes lors de la formation des gamètes	scolaire
<b>S-3-A-4.c</b>	Lors de la fécondation, spermatozoïde et ovule participent à la transmission de l'information génétique : pour chaque paire de chromosome et chaque gène, un exemplaire vient du père, l'autre de la mère	1.7
<b>A-3-A-4.c</b>	Manipulation de maquette afin de rendre compte de l'évolution des chromosomes lors de la formation de la	scolaire

	cellule œuf	
<b>A-3-A-4.d</b>	Expliquer formation d'une cellule œuf mâle ou femelle	1.7
<b>A-3-A-4.e</b>	Expliquer la formation d'une cellule œuf porteuse d'une anomalie chromosomique	1.7
<b>S-3-A-4.d</b>	La fécondation rétablit le nombre de chromosomes de l'espèce	1.7
<b>S-3-A-4.e</b>	La reproduction sexuée crée au hasard un nouveau programme génétique	1.7
	3-B : B-Protection de l'organisme	
	3-C : C-Fonctionnement de l'organisme, activité des cellules et échanges avec le milieu	
	3-C-1 : Le fonctionnement de l'organisme, ses échanges avec le milieu extérieur sont en relation avec l'activité des cellules	
	3-C-2 : La digestion et l'absorption assurent l'approvisionnement en nutriments des cellules à partir des aliments	
	3-C-3 : Au cours d'un ensemble de réactions chimiques, la cellule utilise des nutriments d'une part avec du dioxygène pour libérer de l'énergie, d'autre part pour produire de nouvelles molécules	
<b>S-3-C-3.a</b>	<u>Selon leurs informations génétiques</u> , en utilisant de l'énergie, les <u>cellules produisent</u> à partir de nutriments, <u>de nouvelles molécules nécessaires</u> à leur fonctionnement et à leur renouvellement : c'est l'assimilation	1.6
	3-C-4 : Le sang et la lymphe transportent les nutriments et le dioxygène nécessaires aux cellules, et les déchets produits par leur activité. Les échanges avec les cellules se font par l'intermédiaire de la lymphe	
	3-C-5 : La connaissance des besoins nutritifs (énergie et matière) permet de définir une alimentation qui évite les excès et les carences.	
	3-D : D- Relations à l'environnement et activité nerveuse	
	3-E : E- Responsabilité humaine : santé et environnement (6 heures)	

	3-E-1 : La société en général, chaque citoyen en particulier, a une responsabilité à l'égard de la santé. La société organise la solidarité dans le domaine de la santé publique.	
	3-E-1.1 : Des mesures collectives permettent d'éviter des maladies infectieuses	
	3-E-1.2 : Des techniques et des méthodes permettent aux couples de choisir d'avoir ou non un enfant	
<b>S-3-E-1.2.a</b>	<u>Dans certaines conditions</u> , une interruption volontaire de grossesse (IVG) peut être pratiquée sous contrôle médical	2.1/2.2/2.4
	3-E-1.3 : Grâce au don d'organes et de sang, des vies humaines peuvent être préservées	
	3-E-2 : L'Homme en général, chaque citoyen en particulier, a une responsabilité à l'égard de l'environnement à l'échelle de la planète, garant de sa santé	
	3-E-2.1 : Un contrôle du rejet massif des gaz résultant des activités humaines se justifie par leurs effets sur l'environnement et la santé	
<b>A-3-E-2.1.a</b>	I-Exploitation de documents montrant les conséquences des rayons ultraviolets sur un organisme vivant	1.5 ?
<b>S-3-E-2.2.a</b>	3-E-2.2 : <u>Une vigilance</u> à l'égard des prélèvements excessifs d'animaux et de végétaux, <u>des modifications</u> de milieux de vie ou du patrimoine génétique est nécessaire pour éviter de porter atteinte à la biodiversité	4.1

**Tableau 46** : Corpus d'analyse et justification du codage des unités d'analyse pour la classe de seconde

<b>Codification</b>	<b>Unités d'analyse se rapportant à des éléments d'enseignement de génétique des SVT « en directives »</b>	<b>Codage</b>
<b>V-2</b>	Prendre conscience des <u>apparetements constatés à l'échelle des cellules, de la molécule d'ADN et des organismes</u> permet de <u>dégager notion de patrimoine génétique et d'origine commune des espèces</u>	1.6/1.7
	B-I : I- L'organisme en fonctionnement	
	B-II : II-Cellule, ADN et unité du vivant	
	2-B-II-1 : La cellule fonde l'unité et la diversité du vivant	
<b>S-2-B-II-1.a</b>	Les <u>activités fondamentales des cellules</u> telles que le <u>métabolisme</u> et la <u>division</u> sont sous le <u>contrôle d'un programme génétique</u>	1.6
<b>S-2-B-II-1.b</b>	Le <u>matériel génétique</u> est contenu dans un ou des <u>chromosomes</u>	1.6
	2-B-II-2 : <u>universalité et variabilité de la molécule d'ADN</u>	
<b>S-2-B-II-2.a</b>	La <u>transgénèse</u> repose sur l' <u>universalité de la molécule d'ADN</u> en tant que <u>support de l'information génétique.</u>	1.6
<b>A-2-B-II-2.a</b>	Analyse documentaire d' <u>expérience de transgénèse</u>	1.6/1.5
<b>S-2-B-II-2.b</b>	Chaque <u>chromosome</u> contient une <u>molécule d'ADN</u> qui porte de nombreux <u>gènes</u>	1.6
<b>A-2-B-II-2.b</b>	<u>Mise en évidence d'ADN</u> au niveau des chromosomes (Feulgen)	1.6
<b>A-2-B-II-2.c</b>	<u>Extraction d'ADN</u>	1.6
<b>S-2-B-II-2.c</b>	L' <u>ADN</u> est formé de deux <u>chaînes complémentaires de nucléotides</u> (A, T, C, G)	1.6
<b>A-2-B-II-2.d</b>	<u>Modèles d'ADN</u> réels ou virtuels	1.6
<b>S-2-B-II-2.d</b>	La <u>séquence des nucléotides</u> au sein d'un <u>gène</u> constitue un <u>message</u>	1.6
<b>S-2-B-II-2.e</b>	Les <u>allèles</u> ont pour origine des <u>mutations</u> qui <u>modifient la séquence de l'ADN.</u>	1.6

<b>S-2-B-II-2.f</b>	Les <u>mutations</u> introduisent une <u>variabilité</u> de l' <u>information génétique</u> Leurs <u>conséquences des mutations</u> sont différentes selon qu'elles touchent les cellules somatiques ou germinales	1.6
<b>A-2-B-II-2.e</b>	Obtention par traitement contrôlé de mutant aux UV, des mutants de levure Levures reconnaissables par la coloration des colonies ou leur auxotrophie	1.7 ?
	2-B-II-3 : parenté et diversité des organismes	
<b>S-2-B-II-3.a</b>	Le <u>développement embryonnaire</u> conduit à la mise en place du plan d'organisation en suivant un <u>programme génétiquement déterminé</u>	1.7
<b>S-2-B-II-3.b</b>	Malgré leur diversité les grands plans d'organisation du monde vivant sont <u>sous le contrôle des gènes</u> apparentés tels que les <u>gènes homéotiques</u>	1.7
<b>A-2-B-II-3.a</b>	<u>Programme de développement</u> : observation de gamètes et réalisation d'une fécondation. Les premières étapes du développement de l'embryon ; construction du plan d'organisation	1.7
<b>S-2-B-II-3.c</b>	les <u>similitudes</u> aux différents niveaux d'organisation : <u>cellule, molécule d'ADN</u> et <u>organisme</u> conduisent à la notion d' <u>origine commune des espèces</u> .	1.7
	<i>2<sup>nde</sup> - thème au choix (document d'accompagnement)</i>	
<b>S-2-B-II-T1</b>	<i>La découverte de la structure en double hélice de l'ADN</i>	<i>1.7</i>
<b>S-2-B-II-T2</b>	<i>Les organismes transgéniques en production industrielle (agroalimentaire, pharmaceutique...)</i>	<i>3.2/3.3</i>
<b>S-2-B-II-T3</b>	<i>Bioéthique : les thérapies géniques</i>	<i>2.3</i>
<b>S-2-B-II-T4</b>	<i>Bioéthique : les empreintes génétiques</i>	<i>5.1</i>
<b>S-2-B-II-T5</b>	<i>Mutations et cancers liés aux facteurs de l'environnement</i>	<i>1.6/1.5</i>
<b>S-2-B-II-T6</b>	<i>Mutations spontanées et mutations induites</i>	<i>1.6</i>

**Tableau 47** : Corpus d'analyse et justification (mots soulignés) du codage des unités d'analyse pour la classe de première ES

Codification	Unités d'analyse se rapportant à des éléments d'enseignement de génétique des SVT « en directives »	Codage
V-1ES.1.a	un thème de <u>génétique</u> et <u>biotechnologie</u> qui poursuit la démarche initiée en troisième et approfondie en seconde	1.5/1.6
V-1ES.1.b	Il comporte des aspects allant du <u>diagnostic prénatal</u> jusqu'à une réflexion sur la <u>médecine prédictive</u> .	2.1 2.2
V-1ES.2.a	Un quatrième thème, plus conceptuel, porte sur l'évolution (notions de parenté et d' <u>innovation génétique</u> ). Il complète en partie les approches évolutives développées antérieurement en seconde et permet de replacer l'émergence de l'homme dans le cadre de l'évolution des espèces.	1.7
	1ES -TO-1 : Communication nerveuse	
	1ES -TO-2 : De l'information génétique au phénotype- applications	
V-1ES -TO-2.a	elle précise, dans un premier temps, les mécanismes biologiques assurant l' <u>expression de l'information génétique</u>	1.6
V-1ES -TO-2.b	Par la suite, à partir d'exemples, elle appréhende la <u>notion de complexité des relations entre génotype et phénotype</u>	1.5
V-1ES -TO-2.c	elle permet d'aborder une réflexion critique sur l'étude des <u>génomés</u> et sur l' <u>utilisation des biotechnologies</u> particulièrement d'actualité dans le domaine biomédical et dans celui de l'éthique.	4.1 2.1 2.2
	1ES-TO-2.1.1 : Des phénotypes à différents niveaux d'organisation du vivant	
S-1ES -TO-	Le <u>phénotype</u> peut se définir à <u>différentes échelles</u> : <u>macroscopique</u> , <u>cellulaire</u> et <u>moléculaire</u> .	1.5

<b>2.1.1.a</b>		
<b>A-TO-IES-</b>	Analyse de divers exemples : Drépanocytose, phénycétonurie ou mucoviscidose, xéroderma pigmentosum, rétinites pigmentaires	1.5
<b>2.1.1.a</b>	1ES-TO-2.1.2 : La relation entre ADN et protéines	1.6
<b>S-IES -TO-</b>	Les gènes sont des segments de la molécule d'ADN codants pour des protéines	
<b>2.1.2.a</b>		
<b>S-IES -TO-</b>	La séquence des nucléotides de l'ADN gouverne la séquence des acides aminés dans la protéine selon un système de correspondance, le code génétique	1.6
<b>2.1.2.b</b>		
<b>S-IES -TO-</b>	Les propriétés des protéines dépendent de leur séquence respective en acides aminés.	1.7
<b>2.1.2.c</b>		
<b>S-IES -TO-</b>	Ces protéines, en régissant la structure et les activités cellulaires et contribuent à l'établissement du phénotype	1.6
<b>2.1.2.d</b>		
<b>A-TO-IES-</b>	Observation comparative de séquences de différents allèles et des séquences protéiques correspondantes, conséquences pour le phénotype macroscopique	1.6
<b>2.1.2.a</b>		
<b>S-IES -TO-</b>	La modification du génotype d'un organisme par transgénèse, qui permet de produire de nouvelles protéines, repose sur l'universalité du code génétique	1.6
<b>2.1.2.e</b>		
<b>A-IES-TO-</b>	Analyse d'exemples de production de nouvelles protéines par transgénèse intraspécifique, ou interspécifique (hormone de croissance, insuline, facteur de coagulation...)	3.2
<b>2.1.2.b</b>	1ES-TO-2.2 : Complexité des relations entre génotype et phénotype- applications	
<b>S-IES-TO-</b>	Un phénotype macroscopique donné résulte de processus biologiques gouvernés par l'expression de	1.5

<b>2.2.a</b>	<u>plusieurs gènes.</u>	
<b>S-IES-TO-2.2.b</b>	La <u>mutation de l'un seul de ces gènes</u> peut <u>altérer ce phénotype.</u>	1.5
<b>S-IES-TO-2.2.c</b>	Un <u>même phénotype</u> peut <u>correspondre à plusieurs génotypes</u>	1.5
<b>S-IES-TO-2.2.d</b>	La <u>réalisation d'un phénotype macroscopique</u> dépend de <u>l'interaction de plusieurs gènes entre eux et avec les facteurs de l'environnement</u>	1.5
<b>A-IES-TO-2.2.a</b>	Analyse de divers ex : pigments des yeux de drosophile, albinisme, groupes sanguins	1.5
<b>A-IES-TO-2.2.a.b.c.d.2</b>	Analyse de divers ex : drépanocytose, phénylcétonurie (effets du passage de la phénylalanine vers le tissu cérébral, de l'alimentation...) cancer (prédisposition familiale, rôle de l'environnement et de l'alimentation)	1.5
<b>S-IES-TO-2.2.e</b>	La médecine prédictive et diagnostic prénatal ont pour but de détecter la présence de certains allèles chez un individu	2.1 2.2
<b>A-IES-TO-2.2.e .1</b>	Etude d'un diagnostic prénatal	2.1
<b>A-IES-TO-2.2.e .2</b>	Débat argumenté en relation avec l'enseignement d'éducation civique, juridique et social	4.1
	1ES-TO-3 : Procréation	
	1ES-TO-3.1 : Des processus biologiques contrôlés par des hormones	

	1ES-TO-3.2 : Maîtrise de la reproduction	
	1ES-TO-3.2.1 : Régulation des naissances	
	1ES-TO-3.2.2 : Aide médicalisé à la procréation	
	1ES-TO-3.2.2.1 : Le suivi de grossesse	
<b>S-1ES-TO-3.2.2.1.a</b>	Pendant toute la période de la grossesse, la femme et le fœtus sont médicalement surveillés grâce à différents moyens d'investigation (analyses sanguines, échographies et, si nécessaires, amniocentèse ou choriocentèse....)	2.4
	1ES-TO-3.2.2.2 : Infertilité et procréation médicalement assistée	
	1ES-TC-1 : Alimentation, production alimentaire, environnement	
	1ES-TC-2 : Une ressource naturelle : le bois	
	1ES-TC-2.1 : Le bois, un matériau d'usage courant	
	1ES-TC-2.2 : Importance et gestion des écosystèmes forestiers	
	1ES-TC-2.2.1 : Participation du bois aux grands équilibres de la planète	
	1ES-TC-2.2.2 : Activité industrielle et gestion des forêts	
	1ES-TC-2.2.3 : Biotechnologies, la filière bois	
<b>S-1ES-TC-2.2.3.a</b>	Les recherches actuelles en biotechnologie des espèces forestières ( <u>transgénèse</u> , conservation des ressources génétiques, interactions plantes/ micro-organismes) contribuent à améliorer les conditions d'exploitation et d'utilisation des forêts	3.3
	1ES-TC-3 : Une ressource indispensable : l'eau	
	1ES-TC-4 : Place de l'homme dans l'évolution	
<b>V-1ES-TC-4.a</b>	montrer que la <u>parenté</u> entre les <u>êtres vivants</u> est le fruit d'une longue histoire jalonnée d' <u>innovations</u>	1.3

	<u>génétiques, issues de restructurations des génomes</u>	
<b>V-1ES -TC-4.b</b>	permet de souligner l'antériorité de ces <u>innovations génétiques</u> aléatoires par rapport à l'influence du milieu sur l'évolution en montrant la contingence entre évolution et sélection naturelle	1.7
<b>V-1ES -TC-4.c</b>	parmi ces <u>innovations</u> certaines ont conduit à l'émergence des hominidés au sein desquels se place l'homme dont on soulignera les spécificités culturelles	1.7
	1ES-TC-4.1 : A la recherche de l'ancêtre commun	
<b>S-1ES-TC-4.1.a</b>	Les <u>données moléculaires</u> confortent l'idée que c'est avec le chimpanzé que l'homme partage l'ancêtre commun le plus récent	1.3
<b>A-1ES-TC-4.1.a</b>	Utilisation d'un <u>logiciel d'analyse génique</u> et de la <u>banque de données</u> sur les gènes des primates pour établir l'apparentement homme-chimpanzé	1.3
	1ES-TC-4.2 : les mécanismes de l'évolution	
<b>S-1ES-TC-4.2.a</b>	Les <u>génomés</u> des espèces sont des <u>archives</u> . Ils permettent d'imaginer les <u>événements génétiques</u> moléculaires de l'évolution qui ont conduit à des <u>innovations</u> , à leurs <u>diversifications</u> et à leur <u>complexification</u> (familles multi géniques, gènes chimères...)	1.3
<b>S-1ES-TC-4.2.b</b>	Ces <u>innovations</u> sont aléatoires ; leur nature ne dépend pas des caractéristiques du milieu	1.7
<b>S-1ES-TC-4.2.c</b>	L' <u>évolution des génomes</u> résulte d'un bricolage moléculaire qui a conduit à faire du neuf avec du vieux	1.3
<b>A-1ES-TC-4.2.a</b>	Utilisation de <u>logiciels</u> et de <u>banques de données</u> pour <u>comparer les séquences de gènes</u> et <u>mettre en évidence le polymorphisme des gènes</u> (antitrypsine, HLA)	1.3
<b>A-1ES-TC-</b>	<u>Comparaison de gènes</u> , familles de gènes (globines, gènes homéotiques)	1.6

<b>4.2.b</b>		
<b>S-IES-TC-4.2.d</b>	<p>Ainsi l'acquisition de la bipédie dans la lignée humaine ne fait pas intervenir une explication finaliste</p> <p>A l'origine de la bipédie se trouve des innovations génétiques. Elles ont dû affecter <u>les gènes du développement</u></p> <p>Les conditions de l'environnement peuvent jouer le rôle de crible vis-à-vis des nouveautés phénotypiques engendrées par les innovations génétiques (sélection naturelle)</p> <p>De ce fait, l'évolution dans la lignée humaine peut être dépendante de changements dans l'environnement. Elle est contingente.</p>	1.7
	1ES-TC-4.3 : Emergence du genre <i>Homo</i>	
<b>S-IES-TC-4.3.a</b>	L' <u>analyse génétique</u> des populations humaines suggère qu'elles dérivent toutes d'une seule population d' <i>Homo sapiens</i>	1.3

**Tableau 48** : Corpus d'analyse et justification (mots soulignés) du codage des unités d'analyse pour la classe de première L

Codification	Unités d'analyse se rapportant à des éléments d'enseignement de génétique des SVT « en directives »	Codage
<b>V-1L-TC.a</b>	un thème de <u>génétique</u> et <u>biotechnologie</u> qui poursuit une démarche initiée en troisième et approfondie en seconde. Il comporte des aspects allant du <u>diagnostic prénatal</u> jusqu'à une réflexion sur la <u>médecine prédictive</u> ;	1.6 2.1 2.2
<b>V-1L-TC.b</b>	un troisième thème, plus conceptuel, porte sur l' <u>évolution</u> (notions de parenté et d' <u>innovation génétique</u> ). Il complète partiellement les approches évolutives développées antérieurement en seconde et permet de replacer l'émergence de l'homme dans le cadre de l'évolution des espèces.	1.7
	1L-TC0-1 : La représentation visuelle du monde	
	1L-TC0-1.1 : SVT. L'œil : système optique de la formation des images	
	1L-TC0-1.2: SVT. La rétine : les photorécepteurs rétiniens génèrent des messages sensoriels	
	1L-TC0-1.3 : SVT. Le cerveau : un exemple d'intégration des signaux	
<b>S-1L-TO-1.3.a</b>	L'organisation générale du cortex visuel est la même pour tous ( <u>déterminisme génétique</u> )	1.7
<b>S-1L-TO-1.3.b</b>	<u>Les apprentissages et les expériences</u> acquises sont à l' <u>origine</u> d'une <u>organisation</u> différente des réseaux de neurones corticaux qui fait qu'aucun cerveau ne voit le monde exactement comme un autre	1.5
	1L-TC0-2 : Alimentation et environnement	
	1L-TC-1 : Procréation	
	1L-TC-1.1 : Des processus biologiques contrôlés par des hormones	
	1L-TC-1.2 : Maîtrise de la reproduction	

	1L-TC-1.2.1: Régulation des naissances	
	1L-TC-1.2.2: Aide médicalisé à la procréation	
	1L-TC-1.2.2.1: Le suivi de grossesse	
<b>S-1L-TC-1.2.2.a</b>	Pendant toute la période de la grossesse, la femme et le fœtus sont médicalement surveillés grâce à différents moyens d'investigation (analyses sanguines, échographies et, si nécessaires, <u>amniocentèse ou chorioцентèse....</u> )	2.4
	1L-TC-1.2.2.2: Infertilité et procréation médicalement assistée	
	1L-TC-2 : De l'information génétique au phénotype- applications	
<b>V-1L-TC-2.a</b>	elle précise, dans un premier temps, les mécanismes biologiques assurant <u>l'expression de l'information génétique</u>	1.6
<b>V-1L-TC-2.b</b>	Par la suite, à partir d'exemples, elle appréhende la notion de <u>complexité des relations entre génotype et phénotype</u>	1.5
<b>V-1L-TC-2.c</b>	elle permet d'aborder une <u>réflexion critique sur l'étude des génomes et sur l'utilisation des biotechnologies</u> particulièrement d'actualité dans <u>le domaine biomédical et dans celui de l'éthique.</u>	4.1 2.1 2.2
	1L-TC-2.1 : Des phénotypes à différents niveaux d'organisation du vivant	
<b>S-1L-TC -TO-2.1.1.a</b>	1L-TC -2.1.1 : Le phénotype peut se définir à différentes échelles : macroscopique, cellulaire et moléculaire.	1.5
<b>A- 1L-TC -2.1.1.a</b>	Analyse de divers exemples : <u>Drépanocytose, phénycétonurie ou mucoviscidose, xéroderma pigmentosum, rétinites pigmentaires</u>	1.5

1ES-TO-2.1.2 : La relation entre ADN et protéines		
<b>S-1L-TC 2.1.2.a</b>	- Les <u>gènes</u> sont des <u>segments de la molécule d'ADN</u> codants pour des protéines	1.6
<b>S-1L-TC 2.1.2.b</b>	- La <u>séquence des nucléotides de l'ADN</u> gouverne la <u>séquence des acides aminés</u> dans la protéine selon un système de correspondance, le <u>code génétique</u>	1.6
<b>S-1L-TC 2.1.2.c</b>	- Les propriétés des protéines dépendent de leur séquence respective en acides aminés.	1.7
<b>S-1L-TC 2.1.2.d</b>	- Ces <u>protéines</u> , en régissant la structure et les activités cellulaires et contribuent à l'établissement du <u>phénotype</u>	1.6
<b>A-1L-TC 2.1.2.a</b>	- <u>Observation comparative de séquences de différents allèles et des séquences protéiques correspondantes</u> , conséquences pour le phénotype macroscopique	1.6
<b>S-1L-TC 2.1.2.e</b>	- La <u>modification du génotype</u> d'un organisme par <u>transgénèse</u> , qui permet de <u>produire de nouvelles protéines</u> , repose sur l' <u>universalité du code génétique</u>	1.6
<b>A-1L-TC 2.1.2.b</b>	- Analyse d'exemples de <u>production de nouvelles protéines par transgénèse intraspécifique</u> , ou <u>interspécifique</u> (hormone de croissance, insuline, facteur de coagulation...)	3.3
<b>S-1L-TC -2.2.a</b>	1L-TC -2.2 : Complexité des relations entre génotype et phénotype- applications Un <u>phénotype macroscopique</u> donné résulte de processus biologiques gouvernés pas l' <u>expression de plusieurs gènes</u> .	1.5
<b>S-1L-TC -2.2.b</b>	La mutation de l'un seul de ces gènes peut altérer ce phénotype.	1.5 ?
<b>S-1L-TC -2.2.c</b>	Un même <u>phénotype</u> peut correspondre à <u>plusieurs génotypes</u>	1.5

<b>S-1L-TC -2.2.d</b>	La réalisation d'un <u>phénotype macroscopique</u> dépend de l' <u>interaction de plusieurs gènes</u> entre eux et avec les <u>facteurs</u> de l'environnement	1.5
<b>A-1L-TC 2.2.a</b>	- Analyse de divers ex : <u>pigments des yeux de drosophile</u> , <u>albinisme</u> , <u>groupes sanguins</u>	1.5
<b>A-1L-TC 2.2.b</b>	- Analyse de divers ex : <u>drépanocytose</u> , <u>phénylcétonurie</u> (effets du passage de la phénylalanine vers le tissu cérébral, de l'alimentation...) <u>cancer</u> (prédisposition familiale, rôle de l'environnement et de l'alimentation)	1.5
<b>S-1L-TC -2.2.e</b>	La <u>médecine prédictive</u> et <u>diagnostic prénatal</u> ont pour but de <u>détecter</u> la présence de certains <u>allèles</u> chez un individu	2.1 2.2
<b>A-1L-TC 2.2.c</b>	- Etude d'un <u>diagnostic prénatal</u>	2.1
<b>A-1L-TC 2.2.d</b>	- <u>Débat argumenté</u> en relation avec l'enseignement d'éducation civique, juridique et social	4.1
<b>V-1L-TC-3.a</b>	1L-TC-3 : Place de l'homme dans l'évolution montrer que la <u>parenté</u> entre les <u>êtres vivants</u> est le fruit d'une longue histoire jalonnée d' <u>innovations génétiques</u> , issues de <u>restructurations des génomes</u>	1.3
<b>V-1L-TC-3.b</b>	permet de souligner l' <u>antériorité</u> de ces <u>innovations génétiques</u> aléatoires <u>par rapport à l'influence du milieu</u> sur l' <u>évolution</u> en montrant la contingence entre <u>évolution</u> et <u>sélection naturelle</u>	1.7
<b>V-1L-TC-3.c</b>	parmi ces innovations certaines ont conduit à l' <u>émergence</u> des hominidés au sein desquels se place l'homme dont on soulignera les spécificités culturelles	1.7

	1L-TC-3.1 : A la recherche de l'ancêtre commun	
<b>S-1L-TC-3.1.a</b>	Les <u>données moléculaires</u> confortent l'idée que c'est avec le chimpanzé que l'homme partage l'ancêtre commun le plus récent	1.3
<b>A-1L-TC-3.1.a</b>	Utilisation d'un <u>logiciel d'analyse génique</u> et de la <u>banque de données sur les gènes des primates pour établir l'apparementement homme-chimpanzé</u>	1.3
	S-1L-TC-3.2 : les mécanismes de l'évolution	
<b>S-1L-TC-3.2.a</b>	Les <u>génomés des espèces</u> sont des <u>archives</u> . Ils permettent d'imaginer les événements génétiques moléculaires de l'évolution qui ont conduit à des innovations, à leurs diversifications et à leur complexification (familles multi géniques, gènes chimères...)	1.3
<b>S-1L-TC-3.2.b</b>	Ces innovations sont aléatoires ; leur nature ne dépend pas des caractéristiques du milieu	1.7
<b>S-1L-TC-3.2.c</b>	L'évolution des génomes résulte d'un bricolage moléculaire qui a conduit à faire du neuf avec du vieux	1.3 ?
<b>A-1L-TC-3.2.a</b>	Utilisation de <u>logiciels</u> et de <u>banques de données</u> pour <u>comparer les séquences de gènes</u> et <u>mettre en évidence le polymorphisme des gènes</u> (antitrypsine, HLA)	1.3
<b>A-1L-TC-3.2.b</b>	<u>Comparaison de gènes, familles de gènes</u> (globines, gènes homéotiques)	1.7
<b>S-1L-TC-3.2.d</b>	Ainsi l'acquisition de la bipédie dans la lignée humaine ne fait pas intervenir une explication finaliste A l'origine de la bipédie se trouve des <u>innovations génétiques</u> . Elles ont dû affecter les gènes du développement Les conditions de l'environnement peuvent jouer le rôle de crible vis-à-vis des nouveautés phénotypiques engendrées par les innovations génétiques (sélection naturelle) De ce fait, l'évolution dans la lignée humaine peut être dépendante de changements dans l'environnement.	1.7

	Elle est contingente.	
	1L-TC-3.3 : Emergence du genre <i>Homo</i>	
<b>S-1L-TC-3.3.a</b>	L' <u>analyse génétique</u> des populations humaines suggère qu'elles dérivent toutes d'une seule population d' <i>Homo sapiens</i>	1.3

**Tableau 49** : Corpus d'analyse et justification (mots soulignés) du codage des unités d'analyse pour la classe de première S

<b>Codification</b>	<b>Unités d'analyse se rapportant à des éléments d'enseignement de génétique des SVT « en directives »</b>	<b>Codage</b>
<b>V-1S.1.a</b>	étude de la notion de <u>phénotype</u> à <u>différentes échelles</u> : <u>macroscopique</u> , <u>cellulaire</u> et <u>moléculaire</u> : établissement des différents niveaux d'organisation	1.5
<b>V-1S.1.b</b>	approfondissement du <u>rôle fondamental des protéines</u> dans la réalisation d'un <u>phénotype</u> à travers l'exemple des protéines enzymatique	1.6
<b>V-1S.1.c</b>	établissement du <u>lien</u> entre <u>gène</u> et <u>protéine</u> par l'étude de la synthèse des protéines en s'appuyant sur les acquis de 3 <sup>de</sup>	1.6
<b>V-1S.1.d</b>	compréhension du fait que la <u>diversité phénotypique</u> résulte d' <u>interactions complexes</u> entre la <u>variabilité génétique</u> et l' <u>environnement</u>	1.5
<b>V-1S.2.a</b>	étude de la morphogénèse des végétaux offre l'occasion de <u>relier différents processus cellulaires</u> , permettant l'établissement du <u>phénotype</u> , à l'influence de certains <u>facteurs de l'environnement</u> . Apporte une illustration de l'intégration de ces processus et du rôle d'une hormone végétale : l'auxine.	1.5 ?
<b>V-1S.3.a</b>	- permet de comprendre que la régulation de la glycémie est l'expression d'une <u>information génétique multiple</u> , <u>modulée</u> par des <u>facteurs de l'environnement</u> , en particulier l'alimentation.	1.5
<b>V-1S.3.b</b>	- Est l'occasion de saisir les <u>enjeux de la médecine prédictive</u> et les <u>problèmes éthiques</u> soulevés par la	2.2

	connaissance des maladies génétiques	4.1
<b>V-1S.4.a</b>	a pour objectif de dégager l'importance de <u>l'expression du génotype</u> et de <u>la plasticité</u> dans la formation du cerveau et dans l'individuation qui en dépend	1.5
<b>V-1S.4.b</b>	la connaissance des phénomènes à l'échelle cellulaire et des mécanismes explicatifs des processus intégrateurs permet ensuite de traiter de <u>la part du génotype dans le fonctionnement du système nerveux et de la neuroplasticité</u>	1.5
	1S-SV Des phénotypes à différents niveaux d'organisation du vivant	
	1S-SV-1 : Du génotype au phénotype, relation avec l'environnement (6 semaines)	
<b>V-1S-SV-1.a</b>	Permet d'approfondir les relations entre <u>l'information génétique</u> et <u>les conséquences phénotypiques</u> de son expression fusionner	1.5
<b>V-1S-SV-1.b</b>	Etudier les <u>rôles respectifs des gènes</u> et de l'environnement dans <u>la réalisation du phénotype</u> à partir de l'analyse des diverses échelles permettant de définir un phénotype :	
<b>V-1S-SV-1.c</b>	- l'importance des <u>facteurs de l'environnement</u> comme <u>modulateurs de l'activité enzymatique</u> est rapprochée de la participation des protéines à la réalisation du phénotype.	1.7 1.5
<b>V-1S-SV-1.d</b>	Etablissement de la <u>relation gène-protéine</u> : elle permet de faire le lien entre la diversité allélique au sein d'une espèce et conséquences phénotypique	1.6
<b>V-1S-SV-1.e</b>	Souligne que la <u>diversité phénotypique</u> au sein d'une espèce est le résultat d' <u>interactions complexes entre la variabilité génétique</u> et l'environnement	1.5
	1S-SV-1.1 La diversité des phénotypes	

<b>S-1S-SV-1.1.a</b>	Le <u>phénotype</u> peut se définir à <u>différentes échelles</u> : de l'organisme à la molécule.	1.5
<b>A-1S-SV-1.1.a</b>	Analyse d'un ex comme <u>drépanocytose</u> ou <u>phénylcétonurie</u>	1.5
<b>S-1S-SV-1.1.b</b>	Les <u>phénotypes alternatifs</u> sont dus à des <u>différences</u> dans les <u>protéines</u> concernées	1.6
<b>A-1S-SV-1.1.b</b>	Comparaison de la structure des protéines en relation avec ex étudié	1.6
	1S-SV-1.2 Des protéines actives dans la catalyse : les enzymes	
<b>S-1S-SV-1.2.a</b>	L' <u>activité des enzymes</u> contribue à la <u>réalisation du phénotype</u>	1.6
	1S-SV-1.3 La synthèse des protéines	
<b>S-1S-SV-1.3.a</b>	la <u>séquence des acides aminés</u> des protéines est <u>imposée</u> par l' <u>information génétique</u> située dans la molécule d'ADN.	1.6
<b>A-1S-SV-1.3.a</b>	Utilisation de <u>logiciels</u> relatifs à : -la synthèse des protéines -l' <u>exploitation d'une banque de données</u> sur divers gènes	1.6
<b>S-1S-SV-1.3.b</b>	Un gène est défini comme une <u>séquence de nucléotide</u> d'un <u>brin d'ADN</u> déterminant la <u>séquence d'un polypeptide donné</u>	1.6
<b>S-1S-SV-1.3.c</b>	La molécule d' <u>ADN</u> d'un chromosome est le <u>support de très nombreux gènes</u>	1.6
<b>S-1S-SV-1.3.d</b>	L' <u>expression de l'information génétique</u> Se fait en deux étapes : transcription et traduction	1.6
<b>S-1S-SV-1.3.e</b>	au cours de la <u>transcription</u> un <u>ARN messenger</u> complémentaire du brin transcrit de l'ADN est synthétisé	1.6
<b>S-1S-SV-1.3.f</b>	L' <u>traduction</u> permet la synthèse cytoplasmique de chaînes polypeptidiques. La <u>séquence des acides aminés</u> est <u>gouvernée</u> par celle des nucléotides de l'ARN messenger suivant un système de correspondance, le <u>code génétique</u>	1.6
<b>S-1S-SV-1.3.g</b>	Ce <u>code génétique</u> est universel et dégénéré	1.6

<b>S-1S-SV-1.3.h</b>	La traduction débute au codon d'initiation et s'arrête au codon stop	1.6
	1S-SV-1.4 Complexité des relations entre gènes, phénotypes et environnement	
<b>S-1S-SV-1.4.a</b>	Un phénotype macroscopique donné résulte de <u>processus biologiques</u> gouvernés par l'expression de <u>plusieurs gènes</u> . La <u>mutation</u> de l'un seulement de ces gènes peut <u>altérer ce phénotype</u> . un phénotype macroscopique peut donc correspondre à plusieurs génotypes	1.5
<b>A-1S-SV-1.4.a</b>	Analyse d'exemples : <u>voie métabolique, pigments des yeux de la drosophile, albinisme, pigments végétaux</u> <u>Cas des drépanocytoses, des phénylcétonuries</u>	1.5
<b>S-1S-SV-1.4.b</b>	Chez un individu donné, l'effet des allèles d'un gène va dépendre également de <u>l'environnement</u>	1.5
<b>A-1S-SV-1.4.a</b>	Exemple d'un <u>cancer</u> , prédisposition familiale, rôle de l'environnement et de l'alimentation	1.5
	1S-SV-2 : Morphogénèse végétale et établissement du phénotype	
<b>V-1S-SV-2</b>	<u>Le phénotype morphologique d'un individu est le résultat des interactions entre l'expression du génotype et son contrôle par l'environnement.</u> <u>L'établissement de ce phénotype met en jeu un ensemble de processus biologiques dont des gènes sont responsables</u> (mitose, métabolisme cellulaire, action d'hormones, mise en place des structures de l'organisme). Les gènes gouvernent à la fois les grands traits de l'organisation et les détails de la structure (cellules, tissus, organes, plan d'organisation) <u>L'expression de ces gènes est soumise à des facteurs externes</u> (abiotiques ou biotiques) dont la variabilité s'ajoute à la diversité allélique pour aboutir à une diversité phénotypique individuelle. L'étude de la morphogénèse des végétaux permet d'aborder dans un cadre intégré ces différents	1.5

	phénomènes qui contribuent à l'établissement du phénotype	
	1S-SV-2.1 : La diversité morphologique des caractéristiques des végétaux	
<b>S-1S-SV-2.1.a</b>	La morphologie d'un végétal dépend en partie <u>génétiques de l'espèce</u> . En fonction de leur environnement des <u>individus d'une même espèce</u> peuvent avoir une <u>morphologie différente</u> .	1.5
<b>S-1S-SV-2.1.b</b>	Des réponses <u>morphologiques semblables</u> peuvent être obtenues avec des <u>végétaux d'espèces différentes</u> placés dans un <u>même environnement</u>	A fusionner
	1S-SV-2.2 : La morphogénèse associe la division et la croissance cellulaire au niveau de territoires spécialisés.	
	1S-SV-2.3 : la mitose est un processus commun aux cellules eucaryotes	
<b>S-1S-SV-2.3.a</b>	Au cours de l'interphase du cycle cellulaire, la <u>réplication de l'ADN</u> s'effectue selon un mécanisme semi-conservatif, fondé sur la complémentarité des bases	1.6
<b>A-1S-SV-2.3.a</b>	Réalisation de préparation et ou observation microscopique de cellules en mitose	1.7
<b>A-1S-SV-2.3.b</b>	Analyse de <u>l'expérience de Meselson et Stahl</u>	1.6
<b>A-1S-SV-2.3.c</b>	Exploitation de <u>données sur les taux d'ADN</u> à différents moments de la vie cellulaire	1.6
<b>S-1S-SV-2.3.b</b>	Chaque <u>cellule fille</u> issue de la mitose contient le <u>même patrimoine génétique</u> que la cellule initiale	1.6
	1S-SV-2.4 : Dans la tige, la croissance cellulaire est contrôlée par une hormone : l'auxine	
<b>S-1S-SV-2.4.a</b>	L'auxine facteur de croissance ou hormone végétale contrôle la croissance cellulaire Est synthétisée par l' <u>apex des tiges</u> . Possède une <u>double action</u> : -à court terme sur la plasticité pariétale	1.5

	-à long terme sur l'expression de gènes qui participent aux divers événements du métabolisme nécessaire à la croissance	
	IS-SV-2.5 : Le développement du végétal est influencé par la répartition des hormones en interaction avec les facteurs de l'environnement	
	IS-SV-3 : La régulation de la glycémie et les phénotypes diabétiques	
<b>V-1S-SV-3.a</b>	- mettre en évidence le fait qu'une fonction physiologique, la <u>régulation de la glycémie à court terme</u> , est	1.5
<b>V-1S-SV-3.b</b>	l'expression d'une <u>information génétique multiple</u> mettre en évidence le fait que dans certain cas des <u>facteurs environnementaux</u> peuvent modifier cette régulation	
	IS-SV-3.1 : L'homéostat glycémique	
	IS-SV-3.2 : Les phénotypes diabétiques	
<b>S-1S-SV-3.2.a</b>	Au <u>niveau métabolique</u> , le phénotype diabétique est défini par une hyperglycémie (glycémie à jeun supérieure à 1,26 g.L-1)	1.5
<b>S-1S-SV-3.2.b</b>	Sur le plan clinique, deux phénotypes : diabète de type 1 ou de type 2	
<b>S-1S-SV-3.2.c</b>	Au <u>niveau cellulaire</u> , le diabète de type 1 est caractérisé par la destruction totale des cellules bêta sécrétrices d'insuline. Le diabète de type 2 est dû à une insulino-résistance des cellules cibles de l'insuline ainsi qu'à un déficit qu'à un déficit de l'insulinosécrétion Au <u>niveau cellulaire</u> , le diabète de type 1 est caractérisé par la destruction totale des cellules bêta sécrétrices d'insuline. Le diabète de type 2 est dû à une insulino-résistance des cellules cibles de l'insuline ainsi qu'à un déficit	

	<p>qu'à un déficit de l'insulinosécrétion</p> <p><u>De nombreux gènes sont impliqués dans le développement des diabètes</u></p> <p><u>On peut avoir une prédisposition génétique à un phénotype diabétique</u></p> <p>Les diabètes résultent de l'interaction <u>entre ces gènes et des facteurs de l'environnement</u> en particulier l'alimentation</p> <p>Dans majorité des cas, le diabète de type 2 se développe à la suite d'une obésité.</p>	
<b>A-1S-SV-3.2.c</b>	Analyse de données relatives aux jumeaux monozygotes, à la transmission familiale des diabètes.	1.5
<b>A-1S-SV-3.2.b</b>	Analyse de données épidémiologiques	?
<b>S-1S-SV-3.2.d</b>	La connaissance précise des <u>gènes de susceptibilité aux diabètes</u> et de leur polymorphisme entre dans le cadre de la <u>médecine prédictive</u>	2.2
<b>S-1S-SV-3.2.e</b>	L'utilisation de cette connaissance soulève des problèmes éthiques	4.1
	1S-SV-4 : La part du génotype et la part de l'expérience individuelle dans le fonctionnement du système nerveux	
<b>V-1S-SV-4.a</b>	<p>- <u>élargir compréhension des relations entre phénotype et génotype d'un organisme</u></p> <p>Les réactions comportementales, les représentations du monde que se construit un organisme grâce à son système nerveux, sont des aspects de son phénotype au même titre que ses caractéristiques physiques.</p> <p>Le réflexe myotatique fournit un exemple du déterminisme génétique impliqué dans l'organisation du système nerveux et les propriétés des neurones</p> <p>Les approches suggérées de la plasticité du cortex cérébral attirent l'attention sur le fait que, depuis le tout début de sa mise en place jusqu'à la mort, l'organisation cérébrale inscrit dans sa structure l'histoire individuelle de l'organisme. Cette épigénèse, permise par les gènes, ouvre l'architecture corticale sur</p>	1.5

	l'environnement physique et social. Elle fait de chaque individu (même les vrais jumeaux) un être cérébralement unique, parce qu'en constante reconstruction.	
	IS-SV-4.1 : Les propriétés intégratrices des centres nerveux et le fonctionnement des neurones Les circuits neurologiques médullaires mobilisés au cours du réflexe myotatique	
	IS-SV-4.2 : Les potentiels d'action et les messages nerveux	
	IS-SV-4.3 : La part du génotype dans le fonctionnement du système nerveux	
<b>S-1S-SV-4.3.a</b>	<u>Le phénotype comportemental des réflexes</u> (par exemple, le réflexe myotatique et le réflexe nociceptif d'évitement) est la conséquence de la mise en place, au cours du développement, des chaînes de neurones, sous le <u>contrôle de l'information génétique</u>	1.6
<b>A-1S-SV-4.3.a</b>	Analyse de documents relatifs au déterminisme génétique de certaines formes d'insensibilité congénitale à la douleur	
	IS-SV-4.4 : le cortex sensoriel et la plasticité du système nerveux central	
<b>S-1S-SV-4.4.a</b>	Des modifications de l'activité neuronale à la périphérie régulent l'organisation dynamique du cortex. Elles se traduisent par un remodelage des connexions synaptiques, témoin de la plasticité neuronale	1.5 ?
<b>A-1S-SV-4.4.a</b>	Etude de la représentation des vibrisses de rongeurs dans le cortex sensoriel et sa modification génétique et épigénétique	1.5
<b>A-1S-SV-4.4.b</b>	Analyse de l'évolution de la représentation corticale des doigts des violonistes, occupation du cortex visuel chez les non voyants, etc..	1.5
<b>S-1S-SV-4.4.b</b>	La <u>neuroplasticité</u> est une propriété générale du SNC	?

**Tableau 50** : Corpus d'analyse et justification (mots des unités d'analyse en gras) du codage des unités d'analyse pour la classe de terminale S

<b>Codification</b>	<b>Unités d'analyse se rapportant à des éléments d'enseignement de génétique des SVT « en directives »</b>	<b>Codage</b>
<b>V-TS.a</b>	la stabilité de l'espèce s'accompagne de la variabilité des individus (procréation, génétique)	1.7 1.6
	<b>TS-1.1 : Introduction : approche du temps en biologie et géologie</b>	
	<b>TS-1.2 : Parenté entre êtres vivants actuels et fossiles- Phylogénèse -Evolution</b>	
<b>S-TS-1.2.0.a</b>	Les êtres vivants partagent <b>des propriétés communes</b> (Structure cellulaire, <b>ADN</b> , modalités de la réplication et de l'expression des gènes, code génétique) Ces <b>propriétés</b> traduisent une <b>origine commune</b> .	1.7
	<b>TS-1.2.1 : La recherche de parenté chez les vertébrés- L'établissement des phylogénies</b>	
<b>S-TS-1.2.1.a</b>	L'établissement de relations de parenté entre les vertébrés actuels s'effectue par comparaison de caractères homologues (embryonnaires, morphologiques, anatomiques et moléculaires)	1.7
<b>A-TS-1.2.1.a</b>	Utilisation de logiciels permettant des comparaisons moléculaires entre les vertébrés Hémoglobine et myoglobine	1.7
	<b>TS-1.2.2 : La lignée humaine- la place de l'Homme dans le règne animal</b>	
<b>A-TS-1.2.2.a</b>	Comparaison chromosomique et moléculaire Chimpanzé –Homme Gorille- Homme	1.3
	<b>TS-1.2.3 : Les critères d'appartenance à la lignée humaine</b>	
	<b>TS-1.2.4 : Le caractère buissonnant de la lignée humaine</b>	
	<b>TS-1.2.5 : L'origine des hommes modernes, Homo sapiens</b>	

<b>S-TS-1.2.5.a</b>	Toutes les <b>populations humaines actuelles</b> partagent les mêmes <b>allèles</b> , avec une <b>fréquence</b> variable.	1.7
<b>A-TS-1.2.5.a</b>	Etude de la diversité de la répartition géographique des groupes sanguins	1.7
	<b>TS-1.3 : Stabilité et variabilité des génomes et évolution</b>	
<b>V-TS-1.3.a</b>	Mettre en évidence deux des processus important de l'évolution des génomes : formation de nouveaux <b>allèles</b> et formation de nouveaux <b>gènes</b> par <b>mutation</b> et <b>duplication</b> de gènes.	1.7
<b>V-TS-1.3.b</b>	Montrer le rôle de la <b>reproduction sexuée</b> dans la <b>stabilité</b> du génome et dans sa <b>variabilité</b>	1.7
	<b>TS-1.3.1 : L'apport de l'étude des génomes : les innovations génétiques</b>	
<b>S-TS-1.3.1.a</b>	Au sein d'une <b>espèce</b> , le <b>polymorphisme</b> des séquences d'ADN résulte de l'accumulation de <b>mutations</b> au cours des générations	1.7
<b>A-TS-1.3.1.a</b>	<b>Comparaison de séquences nucléotidiques et protéiques :</b> comparaison de différents allèles d'un gène, comparaison des gènes d'une famille multigénique (hb et myoglobine, gènes homéotiques, etc...)	1.3
<b>S-TS-1.3.1.b</b>	Suivant leur nature et leur localisation, les mutations ( <b>substitution, addition ou délétion</b> d'un ou de plusieurs nucléotides) <b>ont des conséquences phénotypiques variables</b>	1.6
<b>A-TS-1.3.1.b</b>	Utilisation de logiciels de traduction pour étudier les <b>conséquences des mutations sur les protéines</b>	1.6
<b>S-TS-1.3.1.c</b>	Au sein du génome d'une espèce, les similitudes entre <b>gènes (famille de gènes)</b> sont <b>interprétées comme le résultat d'une ou plusieurs duplications</b> d'un gène ancestral	1.3
<b>S-TS-1.3.1.d</b>	La divergence des gènes d'une même famille s'explique par l'accumulation de mutations. Dans certains cas, ces processus peuvent conduire à l'acquisition de gènes correspondant à de nouvelles fonctions.	1.7
<b>S-TS-1.3.1.e</b>	<b>Les innovations génétiques</b> sont <b>aléatoires</b> et leur nature ne dépend pas des caractéristiques du milieu	1.7

	TS-1.3.2 : Méiose et fécondation participent à la stabilité de l'espèce	
<b>S-TS-1.3.2.a</b>	Chez les organismes présentant une reproduction sexuée, une phase haploïde et une phase diploïde alternent.	1.7
<b>A-TS-1.3.2.a</b>	Etude de deux cycles biologiques : mammifère et champignon ascomycète	1.7
<b>S-TS-1.3.2.b</b>	La méiose assure le passage de la phase diploïde à la phase haploïde. suit une phase de réplication de l'ADN et se compose de deux divisions successives qui conduisent à la présence d'un lot haploïde de chromosomes par cellules fille	1.7
<b>A-TS-1.3.2.b</b>	Comparaison de caryotypes de cellules haploïdes et diploïdes	1.7
<b>A-TS-1.3.2.c</b>	Observation cytologiques d'évènement de méiose	1.7
<b>S-TS-1.3.2.c</b>	La fécondation rétablit la diploïdie en réunissant les lots haploïdes des <b>gamètes</b> d'une même <b>espèce</b>	1.7
<b>A-TS-1.3.2.d</b>	Observation cytologiques d'évènement de fécondation	1.7
<b>S-TS-1.3.2.d</b>	des <b>perturbations dans la répartition</b> des chromosomes lors de la formation des gamètes conduisent à des anomalies du nombre des chromosomes.	1.7
<b>A-TS-1.3.2.e</b>	Interprétation de caryotypes présentant une trisomie libre du chromosome 21	1.7
	<b>TS-1.3.3 : Méiose et fécondation sont à l'origine du brassage génétique</b>	
<b>S-TS-1.3.3.a</b>	La variabilité allélique se manifeste au sein d'une <b>espèce</b> par une hétérozygotie à de nombreux locus	1.7
<b>A-TS-1.3.3.a</b>	Analyse de résultats de test-cross chez un organisme diploïde (cas de un ou de deux couples d'allèles	1.7
<b>S-TS-1.3.3.b</b>	la variabilité génétique est accrue par la réunion au <b>hasard</b> des gamètes lors de la fécondation et par les brassages inter et intra chromosomiques lors de la méiose.	1.7
<b>S-TS-1.3.3.c</b>	Le <b>brassage intra chromosomique</b> , ou recombinaison homologue par crossing-over a lieu entre chromosomes homologues appariés lors de la <b>prophase</b> de la première division de <b>méiose</b>	1.7

<b>S-TS-1.3.3.d</b>	<b>Le brassage inter chromosomique</b> est dû à la migration indépendante des chromosomes homologues de chaque paire lors de l' <b>anaphase</b> de la première division de <b>méiose</b>	1.7
<b>A-TS-1.3.3.b</b>	Réalisation, observation et analyse de préparations microscopiques d'asques (cas d'un couple d'allèles)	1.7
	<b>TS-1.3.4 : Etude de trois exemples de relations entre mécanismes de l'évolution et génétique</b>	
<b>S-TS-1.3.4.a</b>	Les innovations génétiques peuvent être <b>favorables, défavorables ou neutres</b> pour la <b>survie</b> de l' <b>espèce</b>	1.7
<b>A-TS-1.3.4.a</b>	Etude de l'exemple du paludisme et de la fréquence de l'allèle BS de la globine ou du mécanisme de la phalène du bouleau	1.7
<b>S-TS-1.3.4.b</b>	Parmi les innovations génétiques, seules celles qui affectent <b>les cellules germinales d'un individu</b> peuvent avoir <b>un impact évolutif</b>	1.7
<b>S-TS-1.3.4.c</b>	les mutations qui confèrent un <b>avantage sélectif</b> aux individus qui en sont porteurs ont <b>une probabilité plus grande</b> de se répandre dans la population	1.7
<b>A-TS-1.3.4.b ?</b>	Comparaison de molécules homologues de différentes espèces ayant les mêmes propriétés Exemple hémoglobine des mammifères	1.7
<b>S-TS-1.3.4.d</b>	des mutations peuvent se répandre dans la population sans conférer d'avantage sélectif particulier (mutations dites neutres)	1.7
<b>S-TS-1.3.4.e</b>	Des mutations affectant les gènes de développement (notamment les gènes homéotiques) peuvent avoir des répercussions sur la chronologie et la durée relative de la mise en place des caractères morphologiques. De telles mutations peuvent avoir des conséquences importantes	1.7
	<b>TS-1.4 : La mesure du temps dans l'histoire de la Terre et de la vie</b>	
	<b>TS-1.5 : La convergence lithosphérique et ses effets</b>	

	<b>TS-1.6 : Procréation</b>	
<b>V-TS-1.6.a</b>	envisager les mécanismes en jeu dans la réalisation du phénotype sexuel à partir du génotype	1.5
	<b>TS-1.6.1 : Du sexe génétique au sexe phénotypique</b>	
<b>S-TS-1.6.1.a</b>	<p>Chez les mammifères les structures et la fonctionnalité des appareils sexuels mâle et femelle sont acquises en quatre étapes au cours du développement</p> <p><b>1<sup>ère</sup> étape</b> : stade phénotypique indifférencié. Mise en place d'un appareil génital indifférencié dont la structure est commune aux deux sexes (génétiquement XX et XY)</p> <p><b>2<sup>ème</sup> étape</b> : Du sexe génétique au sexe gonadique</p> <p>-sur le chromosome Y, au cours du développement précoce, le gène Sry est activé et donne naissance à la protéine TDF, signal de développement des gonades en testicule : acquisition du sexe gonadique mâle</p> <p>-sur le chromosome X, il n'y a pas de gène Sry ; En absence de protéine TDF, les glandes deviennent des ovaires : acquisition du sexe gonadique femelle</p> <p><b>3<sup>ème</sup> étape</b> : du sexe gonadique au sexe phénotype différencié La mise en place du sexe phénotypique mâle se fait sous l'action des hormones testiculaires et de l'hormone antimüllérienne. Celle du sexe phénotypique femelle s'effectue en l'absence de ces hormones</p> <p><b>4<sup>ème</sup> étape</b> : la puberté L'acquisition de la fonctionnalité des appareils sexuels mâle et femelle et des caractères sexuels secondaires se fait sous le contrôle des hormones sexuelles (testostérone chez le mâle, oestrogènes chez la femelle)</p>	1.5
<b>A-TS-1.6.1.a</b>	Exploitation de données concernant l'évolution des phénotypes sexuels mâles et femelle au cours du développement du fœtus	1.5
	<b>TS-1.6.2 : Régulation physiologique de l'axe gonadotrope : intervention de trois niveaux de contrôle</b>	

	TS-1.6.3 : <b>Rencontre des gamètes et début de grossesse</b>	
	TS-1.6.3.1 : <b>Aspect comportemental</b>	
	TS-1.6.3.2 : <b>Maîtrise de la procréation</b>	
	TS-1.6.3.2.1 : <b>Régulation des naissances</b>	
	TS-1.6.3.2.2 : <b>Aide médicalisée à la procréation</b>	
<b>S-TS-1.6.3.2.2.a</b>	<p><u>Le suivi de la grossesse</u> : pendant toute la grossesse la femme et son fœtus sont médicalement surveillés grâce à différents moyens d'investigation (analyses sanguines, échographie et si des doutes apparaissent amniocentèse ou choriocentèse pour dépister des anomalies graves du fœtus).</p> <p>Dans le cas de la détection d'une anomalie grave, diverses mesures sont mises en œuvre qui peuvent aller jusqu'à proposer une IVG thérapeutique</p>	2.4
<b>A-TS-1.6.3.2.2.a</b>	Analyse de textes relatifs aux problèmes éthiques liés aux progrès médicaux dans la maîtrise de la reproduction humaine	4.1 4.2
	<b>TS-1.7 : Immunologie</b>	
<b>V-TS-1.7.a</b>	Permet de réfléchir sur le phénotype (adaptabilité et la variabilité du système immunitaire) et sur son évolution au cours du temps, résultat de <b>l'interaction entre le génotype et l'environnement</b> .	1.5
	<b>TS-1.7.1 : Une maladie qui touche le système immunitaire : le SIDA (syndrome d'immunodéficience acquise)</b>	
<b>S-TS-1.7.1.a</b>	<b>Le VIH appartient à la catégorie des retrovirus (virus à ARN)</b>	1.7
<b>S-TS-1.7.1.b</b>	Une <b>enzyme virale, la transcriptase inverse, transcrit l'ARN viral en ADN</b> dans les cellules infectées Cet ADN est intégré au génome de la cellule et <b>s'exprime</b> , permettant la <b>reproduction du virus</b> sous	

	<b>forme de particules virales infectieuses</b>	
<b>A-TS-1.7.1.a</b>	Etudes de documents concernant le VIH et le SIDA	
<b>A-TS-1.7.1.b</b>	Réalisation d'un test de type ELISA Interprétation de données portant sur la caractérisation de protéines à l'aide de la technique du Western Blot	1.6
<b>A-TS-1.7.1.c</b>	<b>Utilisation de banques de données</b> permettant d'étudier les séquences d'acides aminés correspondant aux différentes parties des anti-corps	1.7/3
<b>A-TS-1.7.1.d</b>	<b>Utilisation de logiciels de modélisation</b> moléculaire montrant les anticorps et la réaction antigène-anticorps	1.7/3
	<b>TS-1.7.2 : Les processus immunitaires mis en jeu- généralisation</b>	
	<b>TS-1.7.3 : Les vaccins et la mémoire immunitaire</b>	
	<b>TS-1.7.3.1 : Les espoirs pour un vaccin anti-VIH</b>	
	<b>TS-1.7.3.2 : Le phénotype immunitaire : interaction entre le génotype et l'environnement</b>	
<b>S-TS-1.7.3.2.a</b>	<b>Le phénotype immunitaire, c'est-à-dire l'ensemble des spécificités des lymphocytes B et T à un moment donné de la vie d'un individu (ou répertoire des anticorps et des récepteurs des cellules T) résulte d'une interaction</b> complexe entre le génotype et l'environnement	1.5
<b>S-TS-1.7.3.2.b</b>	Grâce à des mécanismes génétiques originaux, l'organisme produit des lymphocytes T et B d'une infinie diversité	1.7
<b>S-TS-1.7.3.2.c</b>	Il en résulte un <b>phénotype qui change sans cesse</b> en s'adaptant à l'environnement (variabilité)	1.5
<b>S-TS-1.7.3.2.d</b>	La vaccination est un processus artificiel qui fait évoluer ce phénotype immunitaire	1.5
	<b>TS-1.8 : Couplage des événements biologiques et géologiques au cours des temps</b>	
	<b>TS- II.T1 : Du passé géologique à l'évolution future de la planète</b>	

	<b>TS- II-T2 : Des débuts de la génétique aux enjeux actuels des biotechnologies</b>	
	<b>TS-II-T2.1 : Les débuts de la génétique : les travaux de Mendel</b>	
<b>S-TS-II-T2.1.a</b>	<p>Les travaux de Mendel reposent sur une analyse quantitative d'expériences d'hybridation chez les plantes. Novateurs dans leur méthodologie, ces travaux visaient à obtenir des hybrides stables.</p> <p>Dans un contexte où les gènes n'étaient pas connus, ils ont apporté une rupture conceptuelle :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- réfutation de la notion d'hérédité par mélange,</li> <li>- introduction du concept d'hérédité particulière avec ségrégation indépendante des facteurs héréditaires.</li> </ul> <p>La compréhension des travaux de Mendel repose sur la connaissance des principes de la reproduction sexuée des végétaux</p>	1.7
<b>A-TS-II-T2.1.a</b>	Analyse d'expériences relatives au monohybridisme et au dihybridisme dans la perspective des travaux de Mendel	1.7
	<b>TS-II-T2.2 : La théorie chromosomique de l'hérédité</b>	
<b>S-TS-II-T2.2.a</b>	La redécouverte des lois de Mendel et les découvertes dans le domaine de la cytologie à la fin du XIX <sup>ème</sup> conduisent à l'émission de la <b>théorie chromosomique de l'hérédité</b> (1903) par deux cytologistes et à l'invention du mot gène	1.7
<b>A-TS-II-T2.2.a</b>	Constat du parallélisme entre le comportement des chromosomes et celui des facteurs héréditaires	1.7
<b>S-TS-II-T2.2.b</b>	<p>Les travaux de l'équipe de Morgan sur la drosophile entre 1910 et 1920 corroborent la théorie chromosomique à <b>partir de données expérimentales</b></p> <p>Cette théorie qui contient les notions d'hérédité liée au sexe, de liaison génétique et de recombinaison permet d'expliquer certains cas particuliers qui échappent aux lois de Mendel</p>	1.7

<b>A-TS-II-T2.2.b</b>	Etude du résultat de croisement chez la drosophile dans le cas de l'hérédité liée au sexe et interprétation des résultats dans le cadre de la théorie chromosomique	1.7/6
<b>S-TS-II-T2.2.c</b>	Cette théorie a permis d'établir en 1920 les premières cartes génétiques et la notion de gène (unité de fonction, de recombinaison, de mutation)	1.4/7
<b>A-TS-II-T2.2.c</b>	Réflexions sur la valeur heuristique d'une théorie scientifique	
<b>A-TS-II-T2.2.d</b>	Localisation de trois gènes sur un chromosome à partir de données expérimentales	1.7/6
	<b>TS-II-T2.3 : L'avènement de la biologie moléculaire : une nouvelle rupture</b>	
<b>V-TS-II-T2.3.a</b>	<b>Placer dans une perspective historique des notions déjà étudiées en 2<sup>nde</sup> et 1<sup>ère</sup> et qui ne sont pas en tant que telle au programme</b>	
<b>S-TS-II-T2.3.a</b>	La nature chimique du gène (ADN- double hélice) La relation gène- protéine Modalités de l'expression génétique A placer dans une perspective histoire	1.7/4
	<b>TS-II-T2.4 : La révolution technologique du début des années 1970</b>	
<b>S-TS-II-T2.4.a</b>	L'utilisation des enzymes de restriction ouvre la voie du clonage des gènes et de leur séquençage. <b>En contribuant à une évolution importante du concept de gène et de la perception du polymorphisme,</b> elle fait entrer la génétique dans l'ère des biotechnologies	1.7/4
<b>A-TS-II-T2.4.a</b>	Digestion de l'ADN par des enzymes de restriction et électrophorèse	1.6
	<b>TS-II.T2.5 : Les enjeux actuels des biotechnologies</b>	
	<b>TS-II.T2.5.1 : La transgénèse et la construction d'organismes génétiquement modifiés (OGM)</b>	

<b>S-TS- II.T2.5.1.a</b>	La capacité d'introduire un gène (modifié ou étranger) conduit à la production d'un organisme transgénique acquérant des propriétés nouvelles	1.6
<b>A-TS- II.T2.5.1.a</b>	Etudes d'exemples d'OGM pour la résistance aux insectes et la production de molécules pharmacologiques	3.2 3.3
<b>A-TS- II.T2.5.1.a</b>	Dans un texte ou une étude expérimentale, repérer, les problèmes soulevés par les OGM et argumenter scientifiquement	4.1
	<b>TS-II.T2.5.2 : <u>Les biotechnologies et la génétique humaine</u></b>	
<b>S-TS- II.T2.5.2.a</b>	<b>Dépistage et diagnostic génétique</b> <b>Les acquis de la génétique</b> peuvent être mis en œuvre à différents niveaux pour <b>identifier</b> une pathologie d'origine génétique, en <b>évaluer le risque</b> , en <b>prévenir les effets</b> : -dépistage et diagnostic d'une maladie génétique (arbres généalogiques) -dépistages et signes diagnostiques de la trisomie 21	2.4
<b>A-TS- II.T2.5.2.a</b>	Observation de caryotypes anormaux	2.4
<b>A-TS- II.T2.5.2.b</b>	Evaluation du risque génétique à partir de données statistiques (âge de la mère, mesure de facteurs sériques) dans le cas de la trisomie 21	
<b>S-TS- II.T2.5.2.b</b>	<b>Un enjeu pour l'avenir : la thérapie génique somatique</b> On peut pallier la déficience d'un gène par une thérapie génique somatique	2.3
<b>A-TS- II.T2.5.2.c</b>	Etude de documents sur la thérapie génique somatique	2.3
	<b>TS- II.T3 : Diversité et complémentarité des métabolismes</b>	

	<b>TS-II.T3.1 : Du carbone minéral aux composants du vivant : la photo-autotrophie pour le carbone</b>	
	<b>TS-II.T3.2 : L'ATP, molécule indispensable à la vie cellulaire</b>	
	<b>TS-II.T3.3 : Bilan structural et fonctionnel d'une cellule vivante</b>	
<b>S-TS-II.T3.3.a</b>	Le noyau, par l'information génétique qu'il contient, dirige la synthèse des protéines, et donc des enzymes nécessaires au métabolisme de la cellule	1.6

**Document 13** : Codage du corpus d'analyse de la partie IV

Le codage dans la grille d'analyse des différentes unités d'analyse relevant des savoirs, des tâches et des visées (représentées uniquement par leur codification) est présenté pour chaque niveau. Un tableau de synthèse présent dans le corps du texte récapitule les principaux résultats.

1 : référence sélectionnée

**Tableaux 51** : Codage du corpus d'analyse de la classe de troisième

**Codage des unités d'analyse correspondant à des savoirs**

Codification de l'unité d'analyse	Dimension 1					Dimension 2					Dimension 3					Dimension 4		Dimension 5	
	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	1.6	1.7	2.1	2.2	2.3	2.4	3.1	3.2	3.3	3.4	4.1	4.2	5.1	5.2
S-3-A-1.a						1													
S-3-A-1.b				1															
S-3-A-1.c						1													
S-3-A-1.d					1														
S-3-A-1.e						1													
S-3-A-1.f							1												
S-3-A-1.g							1												
S-3-A-1.h							1												
S-3-A-2.a							1												
S-3-A-2.b							1												

Codification de l'unité d'analyse	Dimension 1							Dimension 2				Dimension 3				Dimension 4		Dimension 5	
	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	1.6	1.7	2.1	2.2	2.3	2.4	3.1	3.2	3.3	3.4	4.1	4.2	5.1	5.2
S-3-A-2.c							1												
S-3-A-3.a							1												
S-3-A-3.b							1												
S-3-A-3.c							1												
S-3-A-3.d							1												
S-3-A-3.e						1													
S-3-A-4.a							1												
S-3-A-4.b							1												
S-3-A-4.c							1												
S-3-A-4.d							1												
S-3-A-4.e							1												
S-3-C-3.a						1													
S-3-E-1.2.a								1	1	1									
S-3-E-2.2.a																		1	
<b>total</b>					2	4	17	1	1	1	1					1			

Codage des unités d'analyse correspondant à des tâches (3<sup>ème</sup>)

l'unité d'analyse	Dimension 1							Dimension 2				Dimension 3				Dimension 4		Dimension 5		
	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	1.6	1.7	2.1	2.2	2.3	2.4	3.1	3.2	3.3	3.4	4.1	4.2	5.1	5.2	
A-3-A-1.a						1														
A-3-A-1.b						1														
A-3-A-1.c					1															
A-3-A-d						1														
A-3-A-e						1														
A-3-A-f										1										
A-3-A-2.a						1														
A-3-A-2.b						S														
A-3-A-2.c						S														
A-3-A-3.a						1														
A-3-A-3.b						1														
A-3-A-4.a						1														
A-3-A-4.b						S														
A-3-A-4.c						S														
A-3-A-4.d						1														
A-3-A-4.e						1														
<b>total</b>					1	1	10				1									

**Codage des unités d'analyse correspondant à des visées (3<sup>ème</sup>)**

Codification de l'unité d'analyse	Dimension 1							Dimension 2				Dimension 3				Dimension 4		Dimension 5	
	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	1.6	1.7	2.1	2.2	2.3	2.4	3.1	3.2	3.3	3.4	4.1	4.2	5.1	5.2
V-3.a					1														
V- 3-A.a						1													
V- 3-A.b					1														
V- 3-A.c						1	1												
<b>total</b>					2	2	1												

**Tableaux 52 :** Codage du corpus d'analyse de la classe de seconde

**Codage des unités d'analyse correspondant à des savoirs**

Codification de l'unité d'analyse	Dimension 1							Dimension 2				Dimension 3				Dimension 4			Dimension 5	
	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	1.6	1.7	2.1	2.2	2.3	2.4	3.1	3.2	3.3	3.4	4.1	4.2	5.1	5.2	
S-2-B-II-1.a						1														
S-2-B-II-1.b						1														
S-2-B-II-2.a						1														
S-2-B-II-2.b						1														
S-2-B-II-2.c						1														
S-2-B-II-2.d						1														
S-2-B-II-2.e						1														
S-2-B-II-2.f						1														
S-2-B-II-3.a							1													
S-2-B-II-3.b							1													
S-2-B-II-3.c							1													
<b>Sous-total 1</b>						8	3													

Thèmes aux choix proposés dans les documents d'accompagnement

Codification de l'unité d'analyse	Dimension 1							Dimension 2				Dimension 3				Dimension 4		Dimension 5	
	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	1.6	1.7	2.1	2.2	2.3	2.4	3.1	3.2	3.3	3.4	4.1	4.2	5.1	5.2
S-2-B-II-T1							1												
S-2-B-II -T2												1	1						
S-2-B-II -T3									1										
S-2-B-II -T4																		1	1
S-2-B-II -T5				1	1														
S-2-B-II -T6					1	1													
<b>Sous-total 2</b>				1	2	1	1	1	1	1		1	1	1				1	1
<b>total</b>				1	10	4	4	1	1	1		1	1	1				1	1

**Codage des unités d'analyse correspondant à des tâches (2<sup>nde</sup>)**

Codification de l'unité d'analyse	Dimension 1						Dimension 2				Dimension 3				Dimension 4		Dimension 5		
	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	1.6	1.7	2.1	2.2	2.3	2.4	3.1	3.2	3.3	3.4	4.1	4.2	5.1	5.2
A-2-B-II-2.a					1	1													
A-2-B-II-2.b						1													
A-2-B-II-2.c						1													
A-2-B-II-2.d						1													
A-2-B-II-2.e							1 ?												
A-2-B-II-3.a							1												
<b>total</b>					1	4	2												

**Codage des unités d'analyse correspondant à des visées (2<sup>nde</sup>)**

Codification de l'unité d'analyse	Dimension 1						Dimension 2				Dimension 3				Dimension 4		Dimension 5		
	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	1.6	1.7	2.1	2.2	2.3	2.4	3.1	3.2	3.3	3.4	4.1	4.2	5.1	5.2
V-2						1	1												
<b>total</b>						1	1												

**Tableaux 53 :** Codage du corpus d'analyse de la classe de première ES

Codage des unités d'analyse correspondant à des savoirs (18 unités d'analyse)

Codification de l'unité d'analyse	Dimension 1							Dimension 2				Dimension 3				Dimension 4		Dimension 5	
	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	1.6	1.7	2.1	2.2	2.3	2.4	3.1	3.2	3.3	3.4	4.1	4.2	5.1	5.2
S-IES -TO-2.1.1.a					1														
S-IES -TO-2.1.2.a						1													
S-IES -TO-2.1.2.b						1													
S-IES -TO-2.1.2.c						1													
S-IES -TO-2.1.2.D						1													
S-IES-TO-2.2.a					1														
S-IES-TO-2.2.b					1														
S-IES-TO-2.2.c					1														
S-IES-TO-2.2.d					1														

Codification de l'unité d'analyse	Dimension 1							Dimension 2					Dimension 3				Dimension 4			Dimension 5	
	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	1.6	1.7	2.1	2.2	2.3	2.4	3.1	3.2	3.3	3.4	4.1	4.2	5.1	5.2		
S-IES-TO-2.2.e								1	1												
S-IES-TO-3.2.2.1.a										1											
S-IES -TC-2.2.3.a														1							
S-IES-TC-4.1.a			1																		
S-IES-TC-4.2.a			1																		
S-IES-TC-4.2.b							1														
S-IES-TC-4.2.c			1																		
S-IES-TC-4.2.d							1														
S-IES-TC-4.3.a			1																		
<b>Total</b>			4		5	4	2	1	1	1	1			1							

**Codage des unités d'analyse correspondant à des tâches (10 unités d'analyse) (1<sup>ère</sup> ES)**

Codification de l'unité d'analyse	Dimension 1							Dimension 2				Dimension 3				Dimension 4		Dimension 5		
	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	1.6	1.7	2.1	2.2	2.3	2.4	3.1	3.2	3.3	3.4	4.1	4.2	5.1	5.2	
A-TO-IES-2.1.1.a					1															
A-TO-IES-2.1.2.a						1														
A-1ES-TO-2.1.2.b												1								
A-1ES-TO-2.2.a					1															
A-1ES-TO-2.2.b					1															
A-1ES-TO-2.2.c								1												
A-1ES-TO-2.2.d																1				
A-1ES-TC-4.1.a		1																		
A-1ES-TC-4.2.a		1																		
A-1ES-TC-4.2.b						1														
<b>Total</b>		2			3	2		1				1				1				

**Codage des unités d'analyse correspondant à des visées (6 unités d'analyse) (1<sup>ère</sup> ES)**

Codification de l'unité d'analyse	Dimension 1							Dimension 2				Dimension 3				Dimension 4		Dimension 5	
	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	1.6	1.7	2.1	2.2	2.3	2.4	3.1	3.2	3.3	3.4	4.1	4.2	5.1	5.2
V-1ES -TO-2.a						1													
V-1ES -TO-2.b				1															
V-1ES -TO-2.c								1	1							1			
V-1ES -TC-4.a			1																
V-1ES -TC-4.b							1												
V-1ES -TC-4.c							1												
<b>Total</b>			1		1	1	2	1	1							1			

**Tableaux 54 :** Codage du corpus d'analyse de la classe de première L

**Codage des unités d'analyse correspondant à des savoirs (19 unités de savoirs)**

Codification de l'unité d'analyse	Dimension 1					Dimension 2					Dimension 3				Dimension 4		Dimension 5		
	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	1.6	1.7	2.1	2.2	2.3	2.4	3.1	3.2	3.3	3.4	4.1	4.2	5.1	5.2
S-IL-TO-1.3.a						1													
S-IL-TO-1.3.b ?				1															
S-IL-TC-1.2.2.a										1									
S-IL-TC -TO-2.1.1.a					1														
S-IL-TC -2.1.2.a						1													
S-IL-TC -2.1.2.b						1													
S-IL-TC -2.1.2.d						1													
S-IL-TC -2.1.2.e						1													
S-IL-TC -2.2.a					1														

Codification de l'unité d'analyse	Dimension 1							Dimension 2							Dimension 3				Dimension 4			Dimension 5	
	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	1.6	1.7	2.1	2.2	2.3	2.4	3.1	3.2	3.3	3.4	4.1	4.2	5.1	5.2				
S-IL-TC -2.2.b					1																		
S-IL-TC -2.2.c					1																		
S-IL-TC -2.2.d					1																		
S-IL-TC -2.2.e								1	1														
S-IL-TC-3.1.a			1																				
S-IL-TC-3.2.a			1																				
S-IL-TC-3.2.b							1																
S-IL-TC-3.2.c			1																				
S-IL-TC-3.2.d							1																
S-IL-TC-3.3.a			1																				
total			4		6	4	3	1	1		1												

Codage des unités d'analyse correspondant à des tâches (10 unités d'analyse) (1<sup>ère</sup> L)

Codification de l'unité d'analyse	Dimension 1							Dimension 2				Dimension 3				Dimension 4			Dimension 5	
	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	1.6	1.7	2.1	2.2	2.3	2.4	3.1	3.2	3.3	3.4	4.1	4.2	5.1	5.2	
A- 1L-TC - 2.1.1.a					1															
A-1L-TC - 2.1.2.a						1														
A-1L-TC - 2.1.2.b												1								
A-1L-TC -2.2.a					1															
A-1L-TC -2.2.b					1															
A-1L-TC -2.2.c								1												
A-1L-TC -2.2.d																1				
A-1L-TC-3.1.a		1																		
A-1L-TC-3.2.a		1																		
A-1L-TC-3.2.b							1													
total		2			3	1	1	1				1				1				

**Codage des unités d'analyse correspondant à des visées (6 unités d'analyse) (1<sup>ère</sup> L)**

Codification de l'unité d'analyse	Dimension 1			Dimension 2			Dimension 3			Dimension 4		Dimension 5							
	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	1.6	1.7	2.1	2.2	2.3	2.4	3.1	3.2	3.3	3.4	4.1	4.2	5.1	5.2
V-1L-TC-2.a						1													
V-1L-TC-2.b				1															
V-1L-TC-2.c																1			
V-1L-TC-3.a			1																
V-1L-TC-3.b							1												
V-1L-TC-3.c							1												
<b>total</b>			1		1	1	2									1			

**Tableaux 55 :** Codage du corpus d'analyse de la classe de première S

Codage des unités d'analyse correspondant à des savoirs (25 unités d'analyse)

Codification de l'unité d'analyse	Dimension 1							Dimension 2				Dimension 3				Dimension 4		Dimension 5	
	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	1.6	1.7	2.1	2.2	2.3	2.4	3.1	3.2	3.3	3.4	4.1	4.2	5.1	5.2
S-IS-SV-1.1.a					1														
S-IS-SV-1.1.b						1													
S-IS-SV-1.2.a						1													
S-IS-SV-1.3.a						1													
S-IS-SV-1.3.b						1													
S-IS-SV-1.3.c						1													
S-IS-SV-1.3.d						1													
S-IS-SV-1.3.e						1													
S-IS-SV-1.3.f						1													
S-IS-SV-1.3.g						1													
S-IS-SV-1.3.h						1													
S-IS-SV-1.4.a					1														
S-IS-SV-1.4.b					1														
S-IS-SV-1.4.c					1														

Codification de l'unité d'analyse	Dimension 1							Dimension 2				Dimension 3				Dimension 4			Dimension 5	
	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	1.6	1.7	2.1	2.2	2.3	2.4	3.1	3.2	3.3	3.4	4.1	4.2	5.1	5.2	
S-IS-SV-1.4.d					1															
S-IS-SV-2.1.a					1															
S-IS-SV-2.1.b					1															
S-IS-SV-2.3.a						1														
S-IS-SV-2.3.b						1														
S-IS-SV-2.4.a					1															
S-IS-SV-3.2.a					1															
S-IS-SV-3.2.d								1												
S-IS-SV-3.2.e															1					
S-IS-SV-4.3.a						1														
S-IS-SV-4.4.a					1															
<b>total</b>					10	13			1											1

**Codage des unités d'analyse correspondant à des tâches (12 unités d'analyse) (1<sup>ère</sup> S)**

Codification de l'unité d'analyse	Dimension 1					Dimension 2					Dimension 3				Dimension 4		Dimension 5		
	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	1.6	1.7	2.1	2.2	2.3	2.4	3.1	3.2	3.3	3.4	4.1	4.2	5.1	5.2
A-1S-SV-1.1.a					1														
A-1S-SV-1.3.a						1													
A-1S-SV-1.4.a					1														
A-1S-SV-1.4.b					1														
A-1S-SV-2.3.a							1												
A-1S-SV-2.3.b						1													
A-1S-SV-2.3.c						1													
A-1S-SV-3.2.a					1														
A-1S-SV-3.2.b					1														
A-1S-SV-4.3.a						1													
A-1S-SV-4.4.a					1														
A-1S-SV-4.4.b					1														
<b>total</b>					7	4	1												

**Codage des unités d'analyse correspondant à des visées (17 unités d'analyse) (1<sup>ère</sup> S)**

Codification des unités	Dimension 1							Dimension 2							Dimension 3					Dimension 4		Dimension 5	
	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	1.6	1.7	2.1	2.2	2.3	2.4	3.1	3.2	3.3	3.4	4.1	4.2	5.1	5.2				
V-1S.1.a					1																		
V-1S.1.b						1																	
V-1S.1.c						1																	
V-1S.1.d					1																		
V-1S.2.a					1																		
V-1S.3.a					1																		
V-1S.3.b								1								1							
V-1S.4.a					1																		
V-1S.4.b					1																		
V-1S-SV-1.a					1																		
V-1S-SV-1.b					1	1																	
V-1S-SV-1.c						1																	
V-1S-SV-1.d					1																		
V-1S-SV-2					1																		
V-1S-SV-3.a					1																		
V-1S-SV-3.b					1																		
V-1S-SV-4.a					1																		
<b>Total</b>					13	4			1							1							

**Tableaux 56 :** Codage du corpus d'analyse de la classe de terminale S

**Codage des unités d'analyse correspondant à des savoirs (39 unités d'analyse) (TS et TS- spécialité)**

Codification de l'unité d'analyse	Dimension 1				Dimension 2				Dimension 3				Dimension 4		Dimension 5				
	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	1.6	1.7	2.1	2.2	2.3	2.4	3.1	3.2	3.3	3.4	4.1	4.2	5.1	5.2
S-TS-1.2.0.a							1												
S-TS-1.2.1.a							1												
S-TS-1.2.5.a							1												
S-TS-1.3.1.a							1												
S-TS-1.3.1.b						1													
S-TS-1.3.1.c			1 ?																
S-TS-1.3.1.d							1												
S-TS-1.3.1.e							1												
S-TS-1.3.2.a							1												
S-TS-1.3.2.b							1												
S-TS-1.3.2.c							1												
S-TS-1.3.2.d							1												
S-TS-1.3.3.a							1												
S-TS-1.3.3.b							1												

Codification de l'unité d'analyse	Dimension 1							Dimension 2				Dimension 3				Dimension 4		Dimension 5	
	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	1.6	1.7	2.1	2.2	2.3	2.4	3.1	3.2	3.3	3.4	4.1	4.2	5.1	5.2
S-TS-1.3.3.c							1												
S-TS-1.3.3.d							1												
S-TS-1.3.4.a							1												
S-TS-1.3.4.b							1												
S-TS-1.3.4.c							1												
S-TS-1.3.4.d							1												
S-TS-1.3.4.e							1												
S-TS-1.6.1.a				1															
S-TS-1.6.3.2.2.a										1									
S-TS-1.7.1.a							1												
S-TS-1.7.1.b							1												
S-TS-1.7.3.2.a				1															
S-TS-1.7.3.2.b							1												
S-TS-1.7.3.2.c				1 ?															
S-TS-1.7.3.2.d				1 ?															
<b>Sous-total TS</b>		1		4			22				1								

Codification de l'unité d'analyse	Dimension 1							Dimension 2				Dimension 3				Dimension 4		Dimension 5	
	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	1.6	1.7	2.1	2.2	2.3	2.4	3.1	3.2	3.3	3.4	4.1	4.2	5.1	5.2
S-TS-II-T2.1.a				1															
S-TS-II-T2.2.a				1															
S-TS-II-T2.2.b				1															
S-TS-II-T2.2.c				1															
S-TS-II-T2.3.a				1															
S-TS-II-T2.4.a				1															
S-TS-II.T2.5.1.a						1													
S-TS-II.T2.5.2.a										1									
S-TS-II.T2.5.2.b									1										
S-TS-II.T3.3.a																			
Sous-total spécialité				6		2				1									
total			1	6	4	2	22			1									

**Codage des unités d'analyse correspondant à des tâches (31 unités d'analyse) (TS)**

Codification de l'unité d'analyse	Dimension 1					Dimension 2					Dimension 3				Dimension 4		Dimension 5		
	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	1.6	1.7	2.1	2.2	2.3	2.4	3.1	3.2	3.3	3.4	4.1	4.2	5.1	5.2
A-TS-1.2.1.a						1													
A-TS-1.2.2.a		1																	
A-TS-1.2.5.a						1													
A-TS-1.3.1.a		1																	
A-TS-1.3.1.b				1															
A-TS-1.3.2.a						1													
A-TS-1.3.2.b						1													
A-TS-1.3.2.c						1													
A-TS-1.3.2.d						1													
A-TS-1.3.2.e						1													
A-TS-1.3.3.a						1													
A-TS-1.3.3.b						1													
A-TS-1.3.4.a						1													
A-TS-1.3.4.b ?						1													
A-TS-1.6.1.a					1														
A-TS-1.6.3.2.2.a																1	1		
A-TS-1.7.1.a							1												



Codage des unités d'analyse correspondant à des visées (6 unités d'analyse) (TS)

Codification de l'unité d'analyse	Dimension 1							Dimension 2				Dimension 3				Dimension 4		Dimension 5	
	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	1.6	1.7	2.1	2.2	2.3	2.4	3.1	3.2	3.3	3.4	4.1	4.2	5.1	5.2
V-TS.a						1	1												
V-TS-1.3.a							1												
V-TS-1.3.b							1												
V-TS-1.6.a					1														
V-TS-1.7.a					1														
<b>Sous-total TS</b>					2	1	3												
<b>V-TS-II-T2.3.a</b>				1															
Sous-total spécialité				1															
total				1	2	1	3												

**Document 14** : Caractéristiques prises comme référence par les contenus et visées des SVT « en directives »

**Sous corpus d'analyse ne reprenant que les unités d'analyse se référant à des pratiques sociales relevant de la génomique ou de la post-génomique ou de pratiques contribuant à mieux les appréhender :**

Les unités d'analyse sont présentées dans l'ordre du programme. Les titres des thèmes et éventuellement des sous-parties sont indiqués.

Pour chaque unité d'analyse explicitée :

- est indiquée dans la colonne la plus à gauche sa codification ;
- sont soulignés les éléments qui ont conduit à son codage dans la grille d'analyse ;
- est indiqué dans la colonne la plus à droite son codage dans la grille d'analyse ainsi que la ou les caractéristiques de la pratique de référence auxquelles elle se réfère.

Un tableau de synthèse présent dans le corps du texte récapitule les principaux résultats concernant les caractéristiques des pratiques sociales de référence retenues pour les savoirs, tâches et visées des SVT « en directives »

**Tableau 57** : Proposition de caractéristiques comme référence pour les unités d'analyse de la classe de troisième

Codification	Unités d'analyse se rapportant à des éléments d'enseignement de génétique des SVT « en directives »	Codage/ caractéristiques
<b>V-3.a</b>	« Il est centré sur l'Homme, à la fois dans son fonctionnement comme organisme et dans divers aspects de ses interactions avec son milieu et son environnement : [...] » « la partie A prévoit une présentation simple du <u>déterminisme génétique</u> , <u>interférant avec l'influence des conditions de vie</u> [...] »	1.5 résultats
<b>V- 3-A.a</b>	permettre une première explication de l'unité de l'espèce et de l'unicité de chaque être humain grâce à l'introduction de la notion de <u>programme génétique</u>	1.6 résultats
<b>V- 3-A.b</b>	l'influence des conditions de vie sur l'expression des caractères individuels est soulignée à travers un ou deux exemples simples	1.5 résultats
<b>V- 3-A.c</b>	aborder le plus concrètement possible la <u>relation entre information génétique et chromosome</u> , l'existence d'une information génétique considérée comme identique dans toutes les cellules somatiques de l'organisme, la transmission de l'information génétique, la création de la diversité	1.6 résultats
<b>S-3-A-1.b</b>	3-A-1 : C' est le résultat de l'expression de son <u>programme génétique</u> et de <u>l'influence des conditions de vie</u>	1.6/1.5 résultats
<b>S-3-A-1.d</b>	Les <u>conditions de vie</u> peuvent modifier certains caractères. Ces modifications ne sont pas <u>héréditaires</u>	1.5 ? résultats
<b>S-3-A-1.e</b>	Les <u>chromosomes</u> sont le <u>support du programme génétique</u>	1.6 résultats

<b>A-3-A-1.c</b>	Interprétations de <u>résultats d'expériences de transfert de noyaux cellulaires</u>	1.6/1.5 technique
<b>S-3-A-3.e</b>	Chaque <u>cellule</u> possède l'ensemble du <u>programme génétique</u> de l'individu mais n'en exprime qu'une <u>partie</u>	1.6 résultats
<b>S-3-C-3.a</b>	Selon leurs <u>informations génétiques</u> , en utilisant de l'énergie, les <u>cellules produisent</u> à partir de nutriments, de <u>nouvelles molécules nécessaires</u> à leur fonctionnement et à leur renouvellement : c'est l' <u>assimilation</u>	1.6 résultats
<b>S-3-E-1.2.a</b>	Dans <u>certaines conditions</u> , une interruption volontaire de grossesse (IVG) peut être pratiquée sous contrôle médical	2.1/2.2/2.4 techniques
<b>S-3-E-2.2.a</b>	3-E-2.2 : <u>Une vigilance</u> à l'égard des <u>prélèvements excessifs d'animaux et de végétaux</u> , <u>des modifications</u> de milieux de vie ou du <u>patrimoine génétique</u> est nécessaire pour éviter de porter atteinte à la biodiversité	4.1 Résultats/action

**Tableau 58** : Proposition de caractéristiques comme référence pour les unités d'analyse de la **classe de seconde**

<b>Codification</b>	<b>Unités d'analyse se rapportant à des éléments d'enseignement de génétique des SVT « en directives »</b>	<b>Codage/ caractéristiques</b>
<b>V-2</b>	Prendre conscience des <u>apparentements constatés à l'échelle des cellules</u> , de la <u>molécule d'ADN</u> et des <u>organismes</u> permet de dégager <u>notion de patrimoine génétique</u> et d' <u>origine commune des espèces</u>	1.6/1.7 résultat
<b>S-2-B-II-1.a</b>	Les <u>activités fondamentales des cellules</u> telles que le <u>métabolisme</u> et la <u>division</u> sont sous le <u>contrôle d'un programme génétique</u>	1.6 résultat
<b>S-2-B-II-1.b</b>	Le <u>matériel génétique</u> est contenu dans un ou des <u>chromosomes</u>	1.6 Résultat

S-2-B-II-2.a	<u>La transgénèse</u> repose sur l'universalité de la molécule d'ADN en tant que support de l'information génétique.	1.6	Résultat technique
A-2-B-II-2.a	Analyse documentaire d' <u>expérience de transgénèse</u>	1.6	technique
S-2-B-II-2.b	<b>Chaque chromosome</b> contient une <u>molécule d'ADN</u> qui porte de nombreux <b>gènes</b>	1.6	résultat
A-2-B-II-2.b	<u>Mise en évidence d'ADN</u> au niveau des chromosomes (Feulgen)	1.6	technique
A-2-B-II-2.c	<u>Extraction d'ADN</u>	1.6	technique
S-2-B-II-2.c	L'ADN est formé de deux chaînes complémentaires de nucléotides (A, T, C, G)	1.6	résultat
A-2-B-II-2.d	<u>Modèles d'ADN</u> réels ou virtuels	1.6	Résultat ?
S-2-B-II-2.d	<b>La séquence des nucléotides</b> au sein d'un gène constitue un message	1.6	résultat
S-2-B-II-2.e	<b>Les allèles</b> ont pour origine des mutations qui modifient la séquence de l'ADN.	1.6	résultat
S-2-B-II-2.f	Les mutations introduisent une <b>variabilité de l'information génétique</b> Leurs conséquences des mutations sont différentes selon qu'elles touchent les cellules somatiques ou	1.6	résultat

	germinales	
<b>Thèmes au choix</b>		
S-2-B-II -T2	Les <b>organismes transgéniques</b> en production industrielle (agroalimentaire, pharmaceutique...)	3.2/3.3
S-2-B-II -T3	Bioéthique : les thérapies géniques	2.3
S-2-B-II -T4	Bioéthique : les empreintes génétiques	5.1
S-2-B-II -T5	Mutations et cancers liés aux facteurs de l'environnement	1.6/1.5
S-2-B-II -T6	Mutations spontanées et mutations induites	1.6

**Tableau 59** : Proposition de caractéristiques comme référence pour les unités d'analyse de la classe de première ES

Codification	Unités d'analyse se rapportant à des éléments d'enseignement de génétique des SVT « en directives »	Codage/ caractéristiques
<b>V-1ES -TO-2.a</b>	elle précise, dans un premier temps, les mécanismes biologiques assurant l' <u>expression de l'information génétique</u>	1.6 résultats
<b>V-1ES -TO-2.b</b>	Par la suite, à partir d'exemples, elle appréhende la <u>notion de complexité des relations entre génotype et phénotype</u>	1.5 résultats
<b>V-1ES -TO-2.c</b>	elle permet d'aborder une <u>réflexion critique sur l'étude des génomes</u> et sur l' <u>utilisation des biotechnologies</u> particulièrement d'actualité dans le domaine biomédical et dans celui de l'éthique.	4.1 Technique et questions en débat

S-IES 2.1.1.a	-TO-	Le <u>phénotype</u> peut se définir à <u>différentes échelles</u> : <u>macroscopique, cellulaire et moléculaire</u> .	1.5 démarche
A-TO-IES- 2.1.1.a ?		Analyse de divers exemples : Drépanocytose, phénycétonurie ou mucoviscidose, xéroderma pigmentosum, rétinites pigmentaires	1.5 objet
S-IES 2.1.2.a	-TO-	Les <u>gènes</u> sont des <u>segments de la molécule d'ADN codants pour des protéines</u>	1.6 résultat
S-IES 2.1.2.b	-TO-	La <u>séquence des nucléotides</u> de l'ADN <u>gouverne la séquence des acides aminés</u> dans la protéine selon un système de correspondance, <u>le code génétique</u>	1.6 résultat
S-IES 2.1.2.d	-TO-	Ces <u>protéines</u> , en <u>régissant la structure et les activités cellulaires</u> et contribuent à <u>l'établissement du phénotype</u>	1.6 résultat
A-TO-IES- 2.1.2.a		<u>Observation comparative de séquences de différents allèles et des séquences protéiques correspondantes</u> , conséquences pour le phénotype macroscopique	1.6 technique
S-IES 2.1.2.e	-TO-	La <u>modification du génotype</u> d'un organisme par transgénèse, qui permet de <u>produire de nouvelles protéines</u> , repose sur <u>l'universalité du code génétique</u>	1.6 Résultat technique
A-IES-TO- 2.1.2.b		Analyse d'exemples de <u>production de nouvelles protéines par transgénèse intraspécifique, ou interspécifique</u> (hormone de croissance, insuline, facteur de coagulation...)	3.2 Technique produit
S-IES-TO- 2.2.a		Un <u>phénotype macroscopique</u> donné résulte de <u>processus biologiques gouvernés par l'expression de plusieurs gènes</u> .	1.5 résultat

S-IES-TO-2.2.b	La <u>mutation</u> de l'un seul de ces gènes peut <u>altérer ce phénotype</u> .	1.5 résultats
S-IES-TO-2.2.c	Un <u>même phénotype</u> peut <u>correspondre à plusieurs génotypes</u>	1.5 résultats
S-IES-TO-2.2.d	La <u>réalisation d'un phénotype macroscopique</u> dépend de l' <u>interaction de plusieurs gènes entre eux et avec les facteurs de l'environnement</u>	1.5 résultats
A-1ES-TO-2.2.a	<b>Analyse de divers ex :</b> pigments des yeux de drosophile, albinisme, groupes sanguins	1.5 objet
A-1ES-TO-2.2.a.b.c.d.2	<b>Analyse de divers ex :</b> drépanocytose, phénylcétonurie (effets du passage de la phénylalanine vers le tissu cérébral, de l'alimentation...) cancer (prédisposition familiale, rôle de l'environnement et de l'alimentation)	1.5 objets
S-IES-TO-2.2.e	<b>La médecine prédictive et diagnostic prénatal ont pour but de détecter la présence de certains allèles</b> chez un individu	2.1 2.2 finalité
A-1ES-TO-2.2.e .1	<b>Etude d'un diagnostic prénatal</b>	2.1 technique
A-1ES-TO-2.2.e .2	<b>Débat argumenté</b> en relation avec l'enseignement d'éducation civique, juridique et social	4.1 technique
S-IES -TC-2.2.3.a	<b>Les recherches actuelles en biotechnologie des espèces forestières</b> (transgénèse, conservation des ressources génétiques, interactions plantes/ micro-organismes)	3.3 finalité

	contribuent à améliorer les <b>conditions d'exploitation</b> et <b>d'utilisation</b> des forêts	
V-1ES -TC-4.a	<b>montrer que la parenté entre les êtres vivants est le fruit d'une longue histoire jalonnée d'innovations génétiques, issues de restructurations des génomes</b>	1.3 résultat
S-1ES-TC-4.1.a	Les données moléculaires confortent l'idée que c'est avec le chimpanzé que l'homme partage l'ancêtre commun le plus récent	1.3 résultat
A-1ES-TC-4.1.a	<b>Utilisation d'un logiciel d'analyse génique et de la banque de données sur les gènes des primates pour établir l'appareillement homme-chimpanzé</b>	1.3 Technique Objet d'étude
S-1ES-TC-4.2.a	Les <b>génomés</b> des espèces sont des <b>archives</b> . Ils permettent d'imaginer les <b>événements génétiques moléculaires de l'évolution</b> qui ont conduit à des <b>innovations, à leurs diversifications et à leur complexification</b> (familles multi géniques, gènes chimères...)	1.3 résultat
S-1ES-TC-4.2.c	<b>L'évolution des génomes</b> résulte <b>d'un bricolage moléculaire</b> qui a conduit à faire du neuf avec du vieux	1.3 résultat
A-1ES-TC-4.2.a	<b>Utilisation de logiciels et de banques de données pour comparer les séquences de gènes et mettre en évidence le polymorphisme des gènes (antitrypsine, HLA)</b>	1.3 Technique Objet d'étude
A-1ES-TC-4.2.b	<b>Comparaison de gènes, familles de gènes (globines, gènes homéotiques)</b>	1.3 Objet d'étude
S-1ES-TC-4.3.a	<b>L'analyse génétique</b> des <b>populations humaines</b> suggère qu'elles <b>dérivent</b> toutes d'une seule population d'Homo sapiens	1.3/1.7 Résultat technique

**Tableau 60** : proposition de caractéristiques comme référence pour les unités d'analyse de la classe de première L

Codification	Unités d'analyse se rapportant à des éléments d'enseignement de génétique des SVT « en directives »	Codage/ caractéristiques
S-1L-TO- 1.3.b ?	Les apprentissages et les expériences acquises sont à l'origine d'une organisation différente des réseaux de neurones corticaux qui fait qu'aucun cerveau ne voit le monde exactement comme un autre	1.5 résultat
V-1L-TC-2.a	elle précise, dans un premier temps, les mécanismes biologiques assurant l'expression de l'information génétique	1.6 résultat
V-1L-TC-2.b	Par la suite, à partir d'exemples, elle appréhende la notion de complexité des relations entre génotype et phénotype	1.5 résultat
V-1L-TC-2.c	elle permet d'aborder une réflexion critique sur l'étude des génomes et sur l'utilisation des biotechnologies particulièrement d'actualité dans le domaine biomédical et dans celui de l'éthique.	4.1 Finalité Question débat en
S-1L-TC -TO- 2.1.1.a	<b>1L-TC -2.1.1</b> : Le <b>phénotype</b> peut se définir à différentes échelles : <b>macroscopique, cellulaire et moléculaire.</b>	1.5 démarche
A- 1L-TC - 2.1.1.a	<b>Analyse de divers exemples : Drépanocytose, phénycétonurie ou mucoviscidose, xérodérma pigmentosum, rétinites pigmentaires</b>	1.5 Objets d'étude

S-1L-TC 2.1.2.a	- Les gènes sont des <b>segments de la molécule d'ADN codants pour des protéines</b>	1.6 résultats
S-1L-TC 2.1.2.b	- <b>La séquence des nucléotides de l'ADN gouverne la séquence des acides aminés dans la protéine</b> selon un système de correspondance, <b>le code génétique</b>	1.6 résultats
S-1L-TC 2.1.2.d	- Ces protéines, en régissant la <b>structure et les activités cellulaires</b> et contribuent à <b>l'établissement du phénotype</b>	1.6 résultats
A-1L-TC 2.1.2.a	- <u>Observation comparative de séquences de différents allèles et des séquences protéiques correspondantes</u> , conséquences pour le <b>phénotype macroscopique</b>	1.6 Technique
S-1L-TC 2.1.2.e	- La <u>modification du génotype</u> d'un organisme par <u>transgénèse</u> , qui permet de <b>produire de nouvelles protéines</b> , repose sur <u>l'universalité du code génétique</u>	1.6 Résultats Principe scientifique Technique finalité
A-1L-TC 2.1.2.b	- <u>Analyse d'exemples de production de nouvelles protéines par transgénèse intraspécifique, ou interspécifique</u> (hormone de croissance, insuline, facteur de coagulation...)	3.3 Produit Mode de production
S-1L-TC -2.2.a	Un <b>phénotype macroscopique</b> donné résulte de <b>processus biologiques</b> gouvernés par <b>l'expression de plusieurs gènes</b> .	1.5 résultats

<b>S-1L-TC -2.2.b</b>	<b>La mutation de l'un seul de ces gènes peut altérer ce phénotype.</b>	1.5 résultats
<b>S-1L-TC -2.2.c</b>	Un même phénotype peut correspondre à plusieurs génotypes	1.5 résultats
<b>S-1L-TC -2.2.d</b>	La réalisation d'un phénotype macroscopique dépend de l'interaction de plusieurs gènes entre eux et avec les facteurs de l'environnement	1.5 résultats
<b>A-1L-TC 2.2.a</b>	- Analyse de divers ex : pigments des yeux de drosophile, albinisme, groupes sanguins	1.5 Objet d'étude
<b>A-1L-TC 2.2.b</b>	- Analyse de divers ex : drépanocytose, phénylcétonurie (effets du passage de la phénylalanine vers le tissu cérébral, de l'alimentation...) cancer (prédisposition familiale, rôle de l'environnement et de l'alimentation)	1.5 Objet d'étude
<b>S-1L-TC -2.2.e</b>	<b>La médecine prédictive et diagnostic prénatal ont pour but de détecter la présence de certains allèles</b> chez un individu	2.1 2.2 Finalité des examens biologiques
<b>A-1L-TC 2.2.c</b>	- <b>Etude d'un diagnostic prénatal</b>	2.1 Examen biologique
<b>A-1L-TC 2.2.d</b>	- <b>Débat argumenté</b> en relation avec l'enseignement d'éducation civique, juridique et social	4.1 Techniques

		Aspect multiples des arguments
V-1L-TC-3.a	<b><u>montrer que la parenté entre les êtres vivants est le fruit d'une longue histoire jalonnée d'innovations génétiques, issues de restructurations des génomes</u></b>	1.3 résultats
S-1L-TC-3.1.a	Les <u>données moléculaires</u> confortent l'idée que c'est avec le chimpanzé que l'homme partage l'ancêtre commun le plus récent	1.3 Résultats technique
A-1L-TC-3.1.a	<b>Utilisation d'un logiciel d'analyse génique et de la banque de données sur les gènes des primates pour établir l'apparentement homme-chimpanzé</b>	1.3 Outil Objet d'étude finalité
S-1L-TC-3.2.a	<b>Les génomes des espèces sont des archives. Ils permettent d'imaginer les événements génétiques moléculaires de l'évolution qui ont conduit à des innovations, à leurs diversifications et à leur complexification (familles multi géniques, gènes chimères...)</b>	1.3 résultats
S-1L-TC-3.2.c	<b>L'évolution des génomes résulte d'un bricolage moléculaire qui a conduit à faire du neuf avec du vieux</b>	1.3 ? résultats
A-1L-TC-3.2.a	<b><u>Utilisation de logiciels et de banques de données pour comparer les séquences de gènes et mettre en évidence le polymorphisme des gènes (antitrypsine, HLA)</u></b>	1.3 Outils Objet d'étude finalité
S-1L-TC-3.3.a	<b><u>L'analyse génétique des populations humaines suggère qu'elles dérivent toutes d'une seule population</u></b>	1.3

	d'Homo sapiens	Résultats technique
--	----------------	---------------------

**Tableau 61** : Proposition de caractéristiques comme référence pour les unités d'analyse de la classe de première S

Codification	Unités d'analyse se rapportant à des éléments d'enseignement de génétique des SVT « en directives »	Codage/ caractéristiques
<b>V-1S.1.a</b>	étude de la notion de phénotype à différentes échelles : macroscopique, cellulaire et moléculaire : établissement des différents niveaux d'organisation	1.5 résultats
<b>V-1S.1.b</b>	approfondissement du rôle fondamental des protéines dans la réalisation d'un phénotype à travers l'exemple des protéines enzymatique	1.6 résultats
<b>V-1S.1.c</b>	établissement du lien entre gène et protéine par l'étude de la synthèse des protéines en s'appuyant sur les acquis de 3 <sup>nde</sup>	1.6 résultats
<b>V-1S.1.d</b>	compréhension du fait que la diversité phénotypique résulte d'interactions complexes entre la variabilité génétique et l'environnement	1.5 résultats
<b>V-1S.2.a</b>	étude de la morphogénèse des végétaux offre l'occasion de relier différents processus cellulaires, permettant l'établissement du phénotype, à l'influence de certains facteurs de l'environnement. Apporte une illustration de l'intégration de ces processus et du rôle d'une hormone végétale : l'auxine.	1.5 résultats

<b>V-1S.3.a</b>	- permet de comprendre que la régulation de la glycémie est l'expression d'une information génétique multiple, modulée par des facteurs de l'environnement, en particulier l'alimentation.	1.5 résultats
<b>V-1S.3.b</b>	- Est l'occasion de saisir les enjeux de la médecine prédictive et les problèmes éthiques soulevés par la connaissance des maladies génétiques	2.2/enjeux/finalités 4.1/éthiques
<b>V-1S.4.a</b>	a pour objectif de dégager l'importance de l'expression du génotype et de la plasticité dans la formation du cerveau et dans l'individuation qui en dépend	1.5 résultats
<b>V-1S.4.b</b>	la connaissance des phénomènes à l'échelle cellulaire et des mécanismes explicatifs des processus intégrateurs permet ensuite de traiter de la part du génotype dans le fonctionnement du système nerveux et de la neuroplasticité	1.5 résultats
	<b>1S-SV Des phénotypes à différents niveaux d'organisation du vivant</b>	
	<b>1S-SV-1 : Du génotype au phénotype, relation avec l'environnement (6 semaines)</b>	
<b>V-1S-SV-1.a</b>	Permet d'approfondir les relations entre l'information génétique et les conséquences phénotypiques de son expression fusionner	1.5 résultats
<b>V-1S-SV-1.b</b>	Etudier les rôles respectifs des gènes et de l'environnement dans la réalisation du phénotype à partir de l'analyse des diverses échelles permettant de définir un phénotype :	
<b>V-1S-SV-1.c</b>	- l'importance des facteurs de l'environnement comme modulateurs de l'activité enzymatique est rapprochée de la participation des protéines à la réalisation du phénotype.	1.7 1.5

		résultats
<b>V-1S-SV-1.d</b>	Etablissement de la relation gène-protéine : elle permet de faire le lien entre la diversité allélique au sein d'une espèce et conséquences phénotypique	1.6 résultats
<b>V-1S-SV-1.e</b>	Souligne que la diversité phénotypique au sein d'une espèce est le résultat d'interactions complexes entre la variabilité génétique et l'environnement	1.5 résultats
	<b>1S-SV-1.1 La diversité des phénotypes</b>	
<b>S-1S-SV-1.1.a</b>	Le phénotype peut se définir à différentes échelles : de l'organisme à la molécule.	1.5/ résultats démarche
<b>A-1S-SV-1.1.a</b>	<b>Analyse d'un ex comme drépanocytose ou phénylcétonurie</b>	1.5 Objet d'étude
<b>S-1S-SV-1.1.b</b>	Les phénotypes alternatifs sont dus à des différences dans les <b>protéines</b> concernées	1.6 résultats
<b>A-1S-SV-1.1.b</b>	<b>Comparaison de la structure des protéines en relation avec ex étudié</b>	1.6 technique
	<b>1S-SV-1.2 Des protéines actives dans la catalyse : les enzymes</b>	
<b>S-1S-SV-1.2.c</b>	L'activité des enzymes contribue à la réalisation du phénotype	1.6 résultats
	<b>1S-SV-1.3 La synthèse des protéines</b>	
<b>S-1S-SV-1.3.a</b>	la séquence des acides aminés des protéines est imposée par l'information génétique située dans la molécule d'ADN.	1.6 résultats
<b>A-1S-SV-1.3.a</b>	<b>Utilisation de logiciels relatifs à :</b>	1.6

	<b>-la synthèse des protéines -l'exploitation d'une banque de données sur divers gènes</b>	Technique
<b>S-IS-SV-1.3.b</b>	Un gène est défini comme une séquence de nucléotide d'un brin d'ADN déterminant la séquence d'un polypeptide donné	1.3 technique
<b>S-IS-SV-1.3.c</b>	La molécule d'ADN d'un chromosome est le support de très nombreux gènes	1.6 résultats
<b>S-IS-SV-1.3.d</b>	<b>L'expression de l'information génétique</b> Se fait en deux étapes : transcription et traduction	1.6 résultats
<b>S-IS-SV-1.3.e</b>	au cours de la <b>transcription</b> un ARN messenger complémentaire du brin transcrit de l'ADN est synthétisé	1.6 résultats
<b>S-IS-SV-1.3.f</b>	<b>La traduction</b> permet la synthèse cytoplasmique de chaînes polypeptidiques. La séquence des acides aminés est gouvernée par celle des nucléotides de l'ARN messenger suivant un système de correspondance, le <b>code génétique</b>	1.6 résultats
<b>S-IS-SV-1.3.g</b>	Ce code génétique est universel et dégénéré	1.6 résultats
<b>S-IS-SV-1.3.h</b>	La traduction débute au codon d'initiation et s'arrête au codon stop	1.6 résultats
	<b>IS-SV-1.4 Complexité des relations entre gènes, phénotypes et environnement</b>	
<b>S-IS-SV-1.4.a</b>	Un phénotype macroscopique donné résulte de <b>processus biologiques</b> gouvernés par <b>l'expression de</b>	1.5

	<b>plusieurs gènes.</b> La <b>mutation</b> de l'un seulement de ces gènes peut <b>altérer</b> ce phénotype. un phénotype macroscopique peut donc correspondre à plusieurs génotypes	résultats
<b>A-1S-SV-1.4.a</b>	<b>Analyse d'exemples :</b> <b>voie métabolique, pigments des yeux de la drosophile, albinisme, pigments végétaux</b> <b>Cas des drépanocytoses, des phénylcétonuries</b>	1.5 Objet d'étude
<b>S-1S-SV-1.4.b</b>	<b>Chez un individu donné, l'effet des allèles d'un gène va dépendre également de l'environnement</b>	1.5 résultats
<b>A-1S-SV-1.4.a</b>	<b>Exemple d'un cancer, prédisposition familiale, rôle de l'environnement et de l'alimentation</b>	1.5 Objet d'étude
	<b>1S-SV-2 : Morphogénèse végétale et établissement du phénotype</b>	
<b>V-1S-SV-2</b>	Le phénotype morphologique d'un individu est le résultat des interactions entre l'expression du génotype et son contrôle par l'environnement. L'établissement de ce phénotype met en jeu un ensemble de processus biologiques <b>dont des gènes sont responsables</b> (mitose, métabolisme cellulaire, action d'hormones, mise en place des structures de l'organisme). Les gènes gouvernent à la fois les grands traits de l'organisation et les détails de la structure (cellules, tissus, organes, plan d'organisation) <b>L'expression de ces gènes est soumise à des facteurs externes</b> (abiotiques ou biotiques) dont la variabilité s'ajoute à la diversité allélique pour aboutir à une diversité phénotypique individuelle. <b>L'étude de la morphogénèse des végétaux permet d'aborder dans un cadre intégré ces différents phénomènes qui contribuent à l'établissement du phénotype</b>	1.5 résultats
	<b>1S-SV-2.1 : La diversité morphologique des caractéristiques des végétaux</b>	

<b>S-1S-SV-2.1.a</b>	La morphologie d'un végétal dépend en partie <b>génétiques de l'espèce</b> . En fonction de <b>leur environnement des individus</b> d'une même espèce peuvent avoir une <b>morphologie différente</b> .	1.5 résultats
<b>S-1S-SV-2.1.b</b>	Des réponses <b>morphologiques semblables</b> peuvent être obtenues avec des végétaux d'espèces différentes placés dans un même environnement	1.5 résultats
	<b>1S-SV-2.2 : La morphogénèse associe la division et la croissance cellulaire au niveau de territoires spécialisés.</b>	
	<b>1S-SV-2.3 : la mitose est un processus commun aux cellules eucaryotes</b>	
<b>S-1S-SV-2.3.a</b>	Au cours de l'interphase du cycle cellulaire, la réplication de l'ADN s'effectue selon un mécanisme semi-conservatif, fondé sur la complémentarité des bases	1.6 résultats
<b>A-1S-SV-2.3.b</b>	<b>Analyse de l'expérience de Meselson et Stahl</b>	1.6 technique
<b>A-1S-SV-2.3.c</b>	<b>Exploitation de données sur les taux d'ADN à différents moments de la vie cellulaire</b>	1.6 technique
<b>S-1S-SV-2.3.b</b>	Chaque cellule fille issue de la mitose contient le même patrimoine génétique que la cellule initiale	1.6 résultats
	<b>1S-SV-2.4 : Dans la tige, la croissance cellulaire est contrôlée par une hormone : l'auxine</b>	
<b>S-1S-SV-2.4.a</b>	L'auxine facteur de croissance ou hormone végétale contrôle la croissance cellulaire Est synthétisée par l'apex des tiges. Possède une double <u>action</u> : -à court terme sur la plasticité pariétale	1.5 résultats

	-à long terme sur l'expression de gènes qui participent aux divers événements du métabolisme nécessaire à la croissance	
<b>V-1S-SV-3.a</b>	- mettre en évidence le fait qu'une fonction physiologique, la régulation de la glycémie à court terme, est l'expression d'une information génétique multiple	1.5 résultats
<b>V-1S-SV-3.b</b>	mettre en évidence le fait que dans certain cas des facteurs environnementaux peuvent modifier cette régulation	
<b>S-1S-SV-3.2.a</b>	Au niveau métabolique, le phénotype diabétique est défini par une <b>hyperglycémie (glycémie à jeun supérieure à 1,26 g.L-1)</b>	1.5
<b>S-1S-SV-3.2.b</b>	Sur le plan clinique, deux phénotypes : diabète de type 1 ou de type 2	Résultats
<b>S-1S-SV-3.2.c</b>	Au <b>niveau cellulaire</b> , le diabète de type 1 est caractérisé par la <b>destruction totale des cellules bêta sécrétrices d'insuline.</b> Le diabète de type 2 est dû à une <b>insulinorésistance des cellules cibles</b> de l'insuline ainsi qu'à un déficit qu'à un déficit de l'insulinosécrétion Au <b>niveau cellulaire</b> , le diabète de type 1 est caractérisé par la <b>destruction totale des cellules bêta sécrétrices d'insuline.</b> Le diabète de type 2 est dû à une <b>insulinorésistance des cellules cibles</b> de l'insuline ainsi qu'à un déficit qu'à un déficit de l'insulinosécrétion De nombreux <b>gènes</b> sont impliqués dans le <b>développement des diabètes</b> On peut avoir une <b>prédisposition génétique</b> à un <b>phénotype diabétique</b> Les diabètes résultent de l' <b>interaction entre ces gènes et des facteurs de l'environnement</b> en particulier l'alimentation	démarche

	Dans majorité des cas, le diabète de type 2 se développe à la suite d'une obésité.	
<b>A-1S-SV-3.2.c</b>	<b>Analyse de données relatives aux jumeaux monozygotes, à la transmission familiale des diabètes.</b>	1.5 Objet d'étude
<b>A-1S-SV-3.2.b</b>	<b>Analyse de données épidémiologiques</b>	?
<b>S-1S-SV-3.2.d</b>	La connaissance précise des <b>gènes de susceptibilité aux diabètes</b> et de leur polymorphisme entre dans le cadre de la <b>médecine prédictive</b>	2.2 finalité
<b>S-1S-SV-3.2.e</b>	L'utilisation de cette connaissance soulève des <b>problèmes éthiques</b>	4.1 Résultat : identifier problèmes éthiques
<b>V-1S-SV-4.a</b>	<p>- <b>élargir compréhension des relations entre phénotype et génotype d'un organisme</b></p> <p>Les réactions comportementales, les représentations du monde que se construit un organisme grâce à son système nerveux, sont des aspects de son phénotype au même titre que ses caractéristiques physiques.</p> <p>Le réflexe myotatique fournit un exemple du déterminisme génétique impliqué dans l'organisation du système nerveux et les propriétés des neurones</p> <p>Les approches suggérées de la plasticité du cortex cérébral attirent l'attention sur le fait que, depuis le tout début de sa mise en place jusqu'à la mort, l'organisation cérébrale inscrit dans sa structure l'histoire individuelle de l'organisme. Cette épigénèse, permise par les gènes, ouvre l'architecture corticale sur l'environnement physique et social. Elle fait de chaque individu (même les vrais jumeaux) un être cérébralement unique, parce qu'en constante reconstruction.</p>	1.5 résultats

<b>S-1S-SV-4.3.a</b>	Le phénotype comportemental des réflexes (par exemple, le réflexe myotatique et le réflexe nociceptif d'évitement) est la conséquence de la mise en place, au cours du développement, des chaînes de neurones, sous le contrôle de l'information génétique	1.6	résultats
<b>A-1S-SV-4.3.a</b>	<b>Analyse de documents relatifs au déterminisme génétique de certaines formes d'insensibilité congénitale à la douleur</b>	1.6	Objet d'étude
<b>S-1S-SV-4.4.a</b>	<b>Des modifications de l'activité neuronale à la périphérie régulent l'organisation dynamique du cortex. Elles se traduisent par un remodelage des connexions synaptiques, témoin de la plasticité neuronale</b>	1.5 ?	résultats
<b>A-1S-SV-4.4.a</b>	Etude de la représentation des vibrisses de rongeurs dans le cortex sensoriel et sa modification génétique et épigénétique	1.5	Objet d'étude
<b>A-1S-SV-4.4.b</b>	<b>Analyse de l'évolution de la représentation corticale des doigts des violonistes, occupation du cortex visuel chez les non voyants, etc..</b>	1.5	Objet d'étude

**Tableau 62** : Proposition de caractéristiques comme référence pour les unités d'analyse de la classe de terminale S

Codification	Unités d'analyse se rapportant à des éléments d'enseignement de génétique des SVT « en directives »	Codage/ caractéristiques
A-TS-1.2.2.a	Comparaison chromosomique et moléculaire Chimpanzé –Homme Gorille- Homme	1.3 Objet d'étude Technique ?

A-TS-1.3.1.a	<p>Comparaison de séquences nucléotidiques et protéiques :</p> <p>comparaison de différents allèles d'un gène, comparaison des gènes d'une famille multigénique (hb et myoglobine, gènes homéotiques, etc..)</p>	1.3	Objet d'étude Technique ?
S-TS-1.3.1.b	<p>Suivant leur nature et leur localisation, les mutations (<b>substitution, addition ou délétion</b> d'un ou de plusieurs nucléotides) ont des <b>conséquences phénotypiques</b> variables</p>	1.6	résultats
A-TS-1.3.1.b	<p>Utilisation de logiciels de traduction pour étudier les <b>conséquences des mutations sur les protéines</b></p>	1.6	technique
S-TS-1.3.1.c	<p>Au sein du génome d'une espèce, les similitudes entre <b>gènes (famille de gènes) sont interprétées comme le résultat d'une ou plusieurs duplications</b> d'un gène ancestral</p>	1.3	résultats
V-TS-1.6.a	<p>envisager les mécanismes en jeu dans la réalisation du phénotype sexuel à partir du génotype</p>	1.5	résultats
S-TS-1.6.1.a	<p>Chez les mammifères les structures et la fonctionnalité des appareils sexuels mâle et femelle sont acquises en quatre étapes au cours du développement</p> <p><b>1<sup>ère</sup> étape</b> : stade phénotypique indifférencié. Mise en place d'un appareil génital indifférencié dont la structure est commune aux deux sexes (génétiquement XX et XY)</p> <p><b>2<sup>ème</sup> étape</b> : Du sexe génétique au sexe gonadique</p> <p>-sur le chromosome Y, au cours du développement précoce, le gène Sry est activé et donne naissance à la protéine TDF, signal de développement des gonades en testicule : acquisition du sexe gonadique mâle</p> <p>-sur le chromosome X, il n'y a pas de gène Sry ; En absence de protéine TDF, les glandes deviennent des ovaires : acquisition du sexe gonadique femelle</p> <p><b>3<sup>ème</sup> étape</b> : du sexe gonadique au sexe phénotype différencié La mise en place du sexe phénotypique mâle</p>	1.5	Résultats démarche

	se fait sous l'action des hormones testiculaires et de l'hormone antimüllérienne. Celle du sexe phénotypique femelle s'effectue en l'absence de ces hormones	
	<b>4<sup>ème</sup> étape</b> : la puberté L'acquisition de la fonctionnalité des appareils sexuels mâle et femelle et des caractères sexuels secondaires se fait sous le contrôle des hormones sexuelles (testostérone chez le mâle, œstrogènes chez la femelle)	
A-TS-1.6.1.a	Exploitation de données concernant l'évolution des phénotypes sexuels mâles et femelle au cours du développement du fœtus	1.5 Objet d'étude
A-TS-1.6.3.2.2.a	Analyse de textes relatifs aux problèmes éthiques liés aux progrès médicaux dans la maîtrise de la reproduction humaine	4.1 4.2 Résultats : problèmes éthiques
	<b>TS-1.7 : Immunologie</b>	
V-TS-1.7.a	Permet de réfléchir sur le phénotype (adaptabilité et la variabilité du système immunitaire) et sur son évolution au cours du temps, résultat de l'interaction entre le génotype et l'environnement.	1.5 résultats
A-TS-1.7.1.b	Réalisation d'un test de type ELISA Interprétation de données portant sur la caractérisation de protéines à l'aide de la technique du Western Blot	1.6 techniques
A-TS-1.7.1.c	<b>Utilisation de banques de données</b> permettant d'étudier les séquences d'acides aminés correspondant aux différentes parties des anti-corps	1.7/3 techniques
A-TS-1.7.1.d	<b>Utilisation de logiciels de modélisation</b> moléculaire montrant les anticorps et la réaction antigène-anticorps	1.7/3 techniques

S-TS-1.7.3.2.a	<b>Le phénotype immunitaire, c'est-à-dire l'ensemble des spécificités des lymphocytes B et T à un moment donné de la vie d'un individu (ou répertoire des anticorps et des récepteurs des cellules T) résulte d'une interaction complexe entre le génotype et l'environnement</b>	1.5 résultats
S-TS-1.7.3.2.b	Grâce à des mécanismes génétiques originaux, l'organisme produit des lymphocytes T et B d'une infinie diversité	1.7 résultats
S-TS-1.7.3.2.c	Il en résulte <b>un phénotype qui change sans cesse</b> en s'adaptant à l'environnement (variabilité)	1.5 résultats
S-TS-1.7.3.2.d	La vaccination est un processus artificiel qui fait évoluer ce phénotype immunitaire	1.5 résultats

### TS- spécialité

<b>S-TS-II-T2.2.b</b>	Les travaux de l'équipe de Morgan sur la drosophile entre 1910 et 1920 corroborent la théorie chromosomique <b>à partir de données expérimentales</b> Cette théorie qui contient les notions d'hérédité liée au sexe, de liaison génétique et de recombinaison permet d'expliquer certains cas particuliers qui échappent aux lois de Mendel	1.7/4 résultats
<b>S-TS-II-T2.2.c</b>	Cette théorie a permis d'établir en 1920 les premières cartes génétiques et la notion de gène (unité de fonction, de recombinaison, de mutation)	1.4/7 résultats
<b>A-TS-II-T2.2.d</b>	Localisation de trois gènes sur un chromosome à partir de données expérimentales	1.7/6 technique
<b>S-TS-II-T2.3.a</b>	La nature chimique du gène (ADN- double hélice)	1.7/4

	La relation gène- protéine Modalités de l'expression génétique A placer dans une perspective histoire	résultats
S-TS-II-T2.4.a	L'utilisation des enzymes de restriction ouvre la voie du clonage des gènes et de leur séquençage. En contribuant à une évolution importante du concept de gène et de la perception du polymorphisme, elle fait entrer la génétique dans l'ère des biotechnologies	1.7/4 résultats
A-TS-II-T2.4.a	Digestion de l'ADN par des enzymes de restriction et électrophorèse	1.6 techniques
S-TS-II.T2.5.1.a	La capacité d'introduire un gène (modifié ou étranger) conduit à la production d'un organisme transgénique acquérant des propriétés nouvelles	1.6 technique
A-TS-II.T2.5.1.a	Etudes d'exemples d'OGM pour la résistance aux insectes et la production de molécules pharmacologiques	3.2 3.3 Objets produits
A-TS-II.T2.5.1.a	Dans un texte ou une étude expérimentale, repérer, les problèmes soulevés par les OGM et argumenter scientifiquement	4.1 Résultats : problèmes Techniques : argumenter
S-TS-II.T2.5.2.b	<b>Un enjeu pour l'avenir : la thérapie génique somatique</b> On peut pallier la déficience d'un gène par une thérapie génique somatique	2.3 finalités
A-TS-II.T2.5.2.b	Etude de documents sur la thérapie génique somatique	2.3

II.T2.5.2.c		Objet d'étude
S-TS-II.T3.3.a	Le noyau, par l'information génétique qu'il contient, dirige la synthèse des protéines, et donc des enzymes nécessaires au métabolisme de la cellule	I.6 résultats

**Tableau 63 :** Corpus d'analyse du II de la partie IV : unités d'analyse incluant la notion de transgénèse

Le codage réalisé dans la partie précédente est rappelé : il correspond à une proposition de pratique de référence pour cette unité d'analyse. Sont également rappelées les propositions de caractéristiques de ces pratiques sélectionnées pour ces unités d'analyse.

Niveau	Unité d'analyse se référant à la transgénèse	référence
3ème	<b>S-3-E-2.2.a</b> <b>Une vigilance à l'égard</b> des prélèvements excessifs d'animaux et de végétaux, <b>des <u>modifications</u></b> de milieu de vie <b>ou du <u>patrimoine génétique</u></b> est nécessaire pour <b>éviter de porter atteinte à la biodiversité</b>	<b>4.1</b> <b>4.2</b> <b>comportement</b> <b>enjeu</b>
2nde	S-2-B-II-2.a <b>La transgénèse</b> repose sur l'universalité de la molécule d'ADN en tant que support de l'information génétique.	<b>1.6</b> <b>Résultat</b> <b>Principe scientifique</b>
2nde	A-2-B-II-2.a Analyse documentaire d'expérience de transgénèse	<b>1.6</b> <b>technique</b>
2nde	S-2-B-II -T2 Les <b>organismes transgéniques</b> en production industrielle (agroalimentaire, pharmaceutique...)	<b>3.2</b> <b>3.3</b> <b>Type d'industrie</b>
2nde	S-2-B-II -T3 Bioéthique : les thérapies géniques	<b>4.1</b> <b>Finalité : bioéthique</b> <b>Question en débat</b> <b>Thérapie génique</b>
1 <sup>ère</sup> ES	<b>S-1ES -TO-2.1.2.e</b> La modification du <u>génotype d'un organisme</u> par <u>transgénèse</u> , qui permet de produire de nouvelles <u>protéines</u> , repose sur <u>l'universalité du code</u>	<b>1.6</b> <b>Résultat</b> <b>Principe scientifique</b> <b>Principe technique</b> <b>Objet produit</b>
1 <sup>ère</sup> ES	<b>A-1ES-TO-2.1.2.e</b> <b>Analyse d'exemples de production de nouvelles</b>	<b>3.2</b> <b>Produit (nature et</b>

	protéines par transgénèse intraspécifique, ou interspécifique (hormone de croissance, insuline, facteur de coagulation...)	propriété) Technique de production
1 <sup>ère</sup> ES	S-1ES -TC-2.2.3.a Les recherches actuelles en biotechnologie des espèces forestières (transgénèse, conservation des ressources génétiques, interactions plantes/ micro-organismes) contribuent à améliorer les <b>conditions d'exploitation</b> et <b>d'utilisation des forêts</b>	3.1 3.3 Finalité des R&D dans la production d'OGM
1 <sup>ère</sup> L	S-1L-TC-2.1.2.e La <b>modification du génotype</b> d'un organisme par transgénèse, qui permet de <b>produire de nouvelles protéines</b> , repose sur <b>l'universalité du code génétique</b>	1.6 Résultat Principe scientifique Principe technique Objet produit
1 <sup>ère</sup> L	A-1L-TC-2.1.2.e Analyse d'exemples de production de nouvelles protéines par transgénèse intraspécifique, ou interspécifique (hormone de croissance, insuline, facteur de coagulation...)	3.2 Produit (nature et propriété) Technique de production
TS spé	<u>La transgénèse et la construction d'organismes génétiquement modifiés (OGM) (TS-II.T2.5.1)</u> S-TS-II.T2.5.1.a La capacité d'introduire un gène (modifié ou étranger) conduit à la production d'un organisme transgénique acquérant des propriétés nouvelles	1.6 Principe technique Nature et propriété de l'objet produit
TS spé	TS-II.T2.5.1.a/A1 Etudes d'exemples d'OGM pour la résistance aux insectes et la production de molécules pharmacologiques	3.2 3.2 Objets produits

<b>TS spé</b>	TS-II.T2.5.1.a/A2 Dans un texte ou une étude expérimentale, repérer, les problèmes soulevés par les OGM et argumenter scientifiquement	<b>4.1</b> <b>Technique</b> <b>Question en débat</b>
<b>TS spé</b>	TS-II.T2.5.2.b <b>Un enjeu pour l'avenir : la thérapie génique somatique</b> On peut pallier la déficience d'un gène par une thérapie génique somatique	<b>2.3</b> <b>Finalité et enjeu de cette pratique</b> <b>principe</b>
<b>TS spéc</b>	TS-II.T2.5.2.b/A Etude de documents sur la thérapie génique somatique	<b>2.3</b> <b>Nom de la pratique</b>

**Tableau 64 :** Corpus d'analyse du II de la partie IV : unités d'analyse se référant à des pratiques s'inscrivant dans la nouvelle vision

Le codage réalisé dans la partie précédente est rappelé : il correspond à une proposition de pratique de référence pour cette unité d'analyse. Sont également rappelées les propositions de caractéristiques de ces pratiques sélectionnées pour ces unités d'analyse.

### Classe de troisième

Codification	Unités d'analyse se rapportant à des éléments d'enseignement de génétique des SVT « en directives »	Codage
V-3.a	« Il est centré sur l'Homme, à la fois dans son fonctionnement comme organisme et dans divers aspects de ses interactions avec son milieu et son environnement : [...] « « la partie A prévoit une présentation simple du <u>déterminisme génétique</u> , <u>interférant avec l'influence des conditions de vie</u> [...] »	1.5 résultats
V-3-A.b	<u>l'influence des conditions de vie sur l'expression des caractères</u> individuels est soulignée à travers un ou deux exemples simples	1.5 résultats
S-3-A-1.b	3-A-1 : C'est le résultat de l'expression de son <u>programme génétique</u> et de <u>l'influence des conditions de vie</u>	1.6/1.5 résultats
S-3-A-1.d	Les <u>conditions de vie</u> peuvent modifier certains <u>caractères</u> . Ces modifications ne sont <u>pas héréditaires</u>	1.5 ? résultats

### Classe de seconde

Codification	Unités d'analyse se rapportant à des éléments d'enseignement de génétique des SVT « en directives »	Codage
<b>Thèmes au choix</b>		
S-2-B-II -T5	Mutations et cancers liés aux facteurs de l'environnement	1.6/1.5

## Classe de première ES

Codification	Unités d'analyse se rapportant à des éléments d'enseignement de génétique des SVT « en directives »	Codage
V-1ES -TO-2.b	Par la suite, à partir d'exemples, elle appréhende la <u>notion de complexité des relations entre génotype et phénotype</u>	1.5 résultats
S-1ES -TO-2.1.1.a	Le <b>phénotype</b> peut se définir à <u>différentes échelles</u> : <b>macroscopique, cellulaire et moléculaire.</b>	1.5 démarche
A-TO-1ES-2.1.1.a ?	Analyse de divers exemples : <b>Drépanocytose, phénylcétonurie ou mucoviscidose, xéroderma pigmentosum, rétinites pigmentaires</b>	1.5 objet
S-1ES-TO-2.2.a	Un <b>phénotype macroscopique</b> donné résulte de <b>processus biologiques gouvernés pas l'expression de plusieurs gènes.</b>	1.5 résultat
S-1ES-TO-2.2.b	La <b>mutation</b> de l'un seul de ces <u>gènes</u> peut <b>altérer ce phénotype.</b>	1.5 résultats
S-1ES-TO-2.2.c	Un <u>même phénotype</u> peut <u>correspondre à plusieurs génotypes</u>	1.5 résultats
S-1ES-TO-2.2.d	La <b>réalisation d'un phénotype macroscopique</b> dépend de <u>l'interaction de plusieurs gènes entre eux et avec les facteurs de l'environnement</u>	1.5 résultats
A-1ES-TO-2.2.a	<b>Analyse de divers ex :</b> pigments des yeux de drosophile, albinisme, groupes sanguins	1.5 objet
A-1ES-TO-2.2.a.b.c.d.2	<b>Analyse de divers ex :</b> drépanocytose, phénylcétonurie (effets du passage de la phénylalanine vers le tissu cérébral, de l'alimentation...) cancer (predisposition familiale, rôle de l'environnement et de l'alimentation)	1.5 objets

## Classe de première L

Codification	Unités d'analyse se rapportant à des éléments d'enseignement de génétique des SVT « en directives »	Codage
S-1L-TO-1.3.b ?	Les apprentissages et les expériences acquises sont à l'origine d'une organisation différente des réseaux de neurones corticaux qui fait qu'aucun cerveau ne voit le monde exactement comme un autre	1.5 résultat
V-1L-TC-2.b	Par la suite, à partir d'exemples, elle appréhende la notion de complexité des relations entre génotype et phénotype	1.5 résultat
A- 1L-TC - 2.1.1.a	<b>Analyse de divers exemples : Drépanocytose, phénylcétonurie ou mucoviscidose, xéroderma pigmentosum, rétinites pigmentaires</b>	1.5 Objets d'étude
S-1L-TC - 2.2.a	Un <b>phénotype macroscopique</b> donné résulte de <b>processus biologiques</b> gouvernés pas <b>l'expression de plusieurs gènes.</b>	1.5 résultats
S-1L-TC - 2.2.b	<b>La mutation</b> de l'un seul de ces gènes peut <b>altérer ce phénotype.</b>	1.5 résultats
S-1L-TC - 2.2.c	Un même <b>phénotype</b> peut correspondre à plusieurs <b>génotypes</b>	1.5 résultats
S-1L-TC - 2.2.d	La <b>réalisation d'un phénotype macroscopique</b> dépend de <b>l'interaction de plusieurs gènes entre eux et avec les facteurs de l'environnement</b>	1.5 résultats
A-1L-TC - 2.2.a	<b>Analyse de divers ex :</b> pigments des yeux de drosophile, albinisme, groupes sanguins	1.5 Objet d'étude
A-1L-TC - 2.2.b	<b>Analyse de divers ex :</b> drépanocytose, phénylcétonurie (effets du passage de la phénylalanine vers le tissu cérébral, de l'alimentation...) cancer (prédisposition familiale, rôle de l'environnement et de l'alimentation)	1.5 Objet d'étude

## Classe de première S

Codification	Unités d'analyse se rapportant à des éléments d'enseignement de génétique des SVT « en directives »	Codage
V-1S.1.a	étude de la notion de phénotype à différentes échelles : macroscopique, cellulaire et moléculaire : établissement des différents niveaux d'organisation	1.5
V-1S.1.d	compréhension du fait que la diversité phénotypique résulte d'interactions complexes entre la variabilité génétique et l'environnement	1.5
V-1S.2.a	étude de la morphogénèse des végétaux offre l'occasion de relier différents processus cellulaires, permettant l'établissement du phénotype, à l'influence de certains facteurs de l'environnement. Apporte une illustration de l'intégration de ces processus et du rôle d'une hormone végétale : l'auxine.	1.5 ?
V-1S.3.a	- permet de comprendre que la régulation de la glycémie est l'expression d'une information génétique multiple, modulée par des facteurs de l'environnement, en particulier l'alimentation.	1.5
V-1S.4.a	a pour objectif de dégager l'importance de l'expression du génotype et de la plasticité dans la formation du cerveau et dans l'individuation qui en dépend	1.5
V-1S.4.b	la connaissance des phénomènes à l'échelle cellulaire et des mécanismes explicatifs des processus intégrateurs permet ensuite de traiter de la part du génotype dans le fonctionnement du système nerveux et de la neuroplasticité	1.5
	<b>1S-SV Des phénotypes à différents niveaux d'organisation</b>	

	<b>du vivant</b>	
	<b>1S-SV-1 : Du génotype au phénotype, relation avec l'environnement (6 semaines)</b>	
<b>V-1S-SV-1.a</b>	Permet d'approfondir les relations entre l'information génétique et les conséquences phénotypiques de son expression fusionner	1.5 résultats
<b>V-1S-SV-1.b</b>	Etudier les rôles respectifs des gènes et de l'environnement dans la réalisation du phénotype à partir de l'analyse des diverses échelles permettant de définir un phénotype :	
<b>V-1S-SV-1.c</b>	- l'importance des facteurs de l'environnement comme modulateurs de l'activité enzymatique est rapprochée de la participation des protéines à la réalisation du phénotype.	1.7 1.5 résultats
<b>V-1S-SV-1.e</b>	Souligne que la diversité phénotypique au sein d'une espèce est le résultat d'interactions complexes entre la variabilité génétique et l'environnement	1.5 résultats
	<b>1S-SV-1.1 La diversité des phénotypes</b>	
<b>S-1S-SV-1.1.a</b>	Le phénotype peut se définir à différentes <b>échelles</b> : de l'organisme à la molécule.	1.5 résultats
<b>A-1S-SV-1.1.a</b>	<b>Analyse d'un ex comme drépanocytose ou phénylcétonurie</b>	1.5 Objet d'étude
	<b>1S-SV-1.4 Complexité des relations entre gènes, phénotypes et environnement</b>	
<b>S-1S-SV-1.4.a</b>	Un phénotype macroscopique donné résulte de <b>processus biologiques</b> gouvernés par l' <b>expression de plusieurs gènes</b> . La <b>mutation</b> de l'un seulement de ces gènes peut <b>altérer</b> ce phénotype. un phénotype macroscopique peut donc correspondre à plusieurs génotypes	1.5 résultats
<b>A-1S-SV-1.4.a</b>	<b>Analyse d'exemples : voie métabolique, pigments des yeux de la drosophile, albinisme, pigments végétaux</b>	1.5 Objet d'étude

	<b>Cas des drépanocytoses, des phénylcétonuries</b>	
<b>S-1S-SV-1.4.b</b>	<b>Chez un individu donné, l'effet des allèles d'un gène va dépendre également de l'environnement</b>	1.5 résultats
<b>A-1S-SV-1.4.a</b>	<b>Exemple d'un cancer, prédisposition familiale, rôle de l'environnement et de l'alimentation</b>	1.5 Objet d'étude
	<b>1S-SV-2 : Morphogénèse végétale et établissement du phénotype</b>	
<b>V-1S-SV-2</b>	<p>Le phénotype morphologique d'un individu est le résultat des interactions entre l'expression du génotype et son contrôle par l'environnement.</p> <p>L'établissement de ce phénotype met en jeu un ensemble de processus biologiques <b>dont des gènes sont responsables</b> (mitose, métabolisme cellulaire, action d'hormones, mise en place des structures de l'organisme). Les gènes gouvernent à la fois les grands traits de l'organisation et les détails de la structure (cellules, tissus, organes, plan d'organisation)</p> <p><b>L'expression de ces gènes est soumise à des facteurs externes</b> (abiotiques ou biotiques) dont la variabilité s'ajoute à la diversité allélique pour aboutir à une diversité phénotypique individuelle.</p> <p><b>L'étude de la morphogénèse des végétaux permet d'aborder dans un cadre intégré ces différents phénomènes qui contribuent à l'établissement du phénotype</b></p>	1.5 résultats
	<b>1S-SV-2.1 : La diversité morphologique des caractéristiques des végétaux</b>	
<b>S-1S-SV-2.1.a</b>	<p>La morphologie d'un végétal dépend en partie <b>génétiques de l'espèce</b>.</p> <p>En fonction de <b>leur environnement des individus</b> d'une même espèce peuvent avoir une <b>morphologie différente</b>.</p>	1.5 résultats
	<b>1S-SV-2.4 : Dans la tige, la croissance cellulaire est</b>	

	<b>contrôlée par une hormone : l'auxine</b>	
<b>S-1S-SV-2.4.a</b>	<p>L'auxine facteur de croissance ou hormone végétale contrôle la croissance cellulaire</p> <p>Est synthétisée par l'apex des tiges.</p> <p>Possède une double action :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>-à court terme sur la plasticité pariétale</li> <li>-à long terme sur l'expression de gènes qui participent aux divers évènements du métabolisme nécessaire à la croissance</li> </ul>	1.5 résultats
<b>V-1S-SV-3.a</b>	<p>- mettre en évidence le fait qu'une fonction physiologique, la régulation de la glycémie à court terme, est l'expression d'une information génétique multiple</p> <p>mettre en évidence le fait que dans certain cas des facteurs environnementaux peuvent modifier cette régulation</p>	1.5 résultats
<b>V-1S-SV-3.b</b>		
<b>S-1S-SV-3.2.a</b>	<p>Au niveau métabolique, le phénotype diabétique est défini par une <b>hyperglycémie (glycémie à jeun supérieure à 1,26 g.L-1)</b></p> <p>Sur le plan clinique, deux phénotypes : diabète de type 1 ou de type 2</p> <p>Au <b>niveau cellulaire</b>, le diabète de type 1 est caractérisé par la <b>destruction totale des cellules bêta sécrétrices d'insuline.</b></p> <p>Le diabète de type 2 est dû à une <b>insulinorésistance des cellules</b> cibles de l'insuline ainsi qu'à un déficit qu'à un déficit de l'insulinosécrétion</p> <p>Au <b>niveau cellulaire</b>, le diabète de type 1 est caractérisé par la <b>destruction totale des cellules bêta sécrétrices d'insuline.</b></p> <p>Le diabète de type 2 est dû à une <b>insulinorésistance des cellules</b> cibles de l'insuline ainsi qu'à un déficit qu'à un déficit de l'insulinosécrétion</p> <p>De nombreux <b>gènes</b> sont impliqués dans le <b>développement des diabètes</b></p> <p>On peut avoir une <b>prédisposition génétique</b> à un <b>phénotype</b></p>	1.5 résultats
<b>S-1S-SV-3.2.b</b>		
<b>S-1S-SV-3.2.c</b>		

	<p><b>diabétique</b></p> <p>Les diabètes résultent de <b>l'interaction entre ces gènes et des facteurs de l'environnement</b> en particulier l'alimentation</p> <p>Dans majorité des cas, le diabète de type 2 se développe à la suite d'une obésité.</p>	
A-1S-SV-3.2.c	<p><b>Analyse de données relatives aux jumeaux monozygotes, à la transmission familiale des diabètes.</b></p>	1.5 Objet d'étude
A-1S-SV-3.2.b	<p><b>Analyse de données épidémiologiques</b></p>	?
V-1S-SV-4.a	<p>- <b>élargir compréhension des relations entre phénotype et génotype d'un organisme</b></p> <p>Les réactions comportementales, les représentations du monde que se construit un organisme grâce à son système nerveux, sont des aspects de son phénotype au même titre que ses caractéristiques physiques.</p> <p>Le réflexe myotatique fournit un exemple du déterminisme génétique impliqué dans l'organisation du système nerveux et les propriétés des neurones</p> <p>Les approches suggérées de la plasticité du cortex cérébral attirent l'attention sur le fait que, depuis le tout début de sa mise en place jusqu'à la mort, l'organisation cérébrale inscrit dans sa structure l'histoire individuelle de l'organisme. Cette épigénèse, permise par les gènes, ouvre l'architecture corticale sur l'environnement physique et social. Elle fait de chaque individu (même les vrais jumeaux) un être cérébralement unique, parce qu'en constante reconstruction.</p>	1.5 résultats
S-1S-SV-4.4.a	<p>Des <b>modifications de l'activité neuronale</b> à la périphérie <b>régulent l'organisation dynamique du cortex.</b> Elles se traduisent par un <b>remodelage des connexions synaptiques</b>, témoin de la <b>plasticité neuronale</b></p>	1.5 ? résultats
A-1S-SV-	<p><b>Etude de la représentation des vibrisses de rongeurs dans</b></p>	1.5

4.4.a	le cortex sensoriel et sa modification génétique et épigénétique	Objet d'étude
A-1S-SV-4.4.b	Analyse de l'évolution de la représentation corticale des doigts des violonistes, occupation du cortex visuel chez les non voyants, etc..	1.5 Objet d'étude

## Classe de terminale S

Codification	Unités d'analyse se rapportant à des éléments d'enseignement de génétique des SVT « en directives »	Codage
V-TS-1.6.a	envisager les mécanismes en jeu dans la réalisation du phénotype sexuel à partir du génotype	1.5 résultats
S-TS-1.6.1.a	<p>Chez les mammifères les structures et la fonctionnalité des appareils sexuels mâle et femelle sont acquises en quatre étapes au cours du développement</p> <p><b>1<sup>ère</sup> étape :</b> stade phénotypique indifférencié. Mise en place d'un appareil génital indifférencié dont la structure est commune aux deux sexes (génétiquement XX et XY)</p> <p><b>2<sup>ème</sup> étape :</b> Du sexe génétique au sexe gonadique</p> <p>-sur le chromosome Y, au cours du développement précoce, le gène Sry est activé et donne naissance à la protéine TDF, signal de développement des gonades en testicule : acquisition du sexe gonadique mâle</p> <p>-sur le chromosome X, il n'y a pas de gène Sry ; En absence de protéine TDF, les glandes deviennent des ovaires : acquisition du sexe gonadique femelle</p> <p><b>3<sup>ème</sup> étape :</b> du sexe gonadique au sexe phénotypique différencié La mise en place du sexe phénotypique mâle se fait sous l'action des hormones testiculaires et de l'hormone antimüllérienne. Celle du sexe phénotypique femelle s'effectue en l'absence de ces hormones</p>	1.5 Résultats démarche

	<b>4<sup>ème</sup> étape</b> : la puberté L'acquisition de la fonctionnalité des appareils sexuels mâle et femelle et des caractères sexuels secondaires se fait sous le contrôle des hormones sexuelles (testostérone chez le mâle, œstrogènes chez la femelle)	
<b>A-TS-1.6.1.a</b>	Exploitation de données concernant l'évolution des phénotypes sexuels mâles et femelle au cours du développement du fœtus	1.5 Objet d'étude
	<b>TS-1.7 : Immunologie</b>	
<b>V-TS-1.7.a</b>	Permet de réfléchir sur le phénotype (adaptabilité et la variabilité du système immunitaire) et sur son évolution au cours du temps, résultat de l'interaction entre le génotype et l'environnement.	1.5 résultats
<b>S-TS-1.7.3.2.a</b>	<b>Le phénotype immunitaire, c'est-à-dire l'ensemble des spécificités des lymphocytes B et T à un moment donné de la vie d'un individu (ou répertoire des anticorps et des récepteurs des cellules T) résulte d'une interaction complexe entre le génotype et l'environnement</b>	1.5 résultats
<b>S-TS-1.7.3.2.c</b>	Il en résulte <b>un phénotype qui change sans cesse</b> en s'adaptant à l'environnement (variabilité)	1.5 résultats
<b>S-TS-1.7.3.2.d</b>	La vaccination est un processus artificiel qui fait évoluer ce phénotype immunitaire	1.5 résultats

**Document 15 :** Prise en charge de la notion de « modification du patrimoine génétique » par les programmes de 3<sup>ème</sup>

**Tableau 65 :** Eléments pour une proposition de représentation graphique d'un réseau notionnel de l'unité d'analyse incluant la notion de « modification du patrimoine génétique » (3<sup>ème</sup> thème E)

Examen de l'unité d'analyse, S-3-E-2.2.a, en vue de proposer un réseau notionnel incluant la notion de « modification du patrimoine génétique ».

Unité d'analyse	Proposition de notion	Proposition de relation sémantique
<p>Une <b>vigilance</b> à l'égard des <b>prélèvements excessifs</b> d'animaux et de végétaux, <b>des modifications</b> de <b>milieux de vie</b> ou du <b>patrimoine génétique</b> est nécessaire pour éviter de porter atteinte à la <b>biodiversité</b></p>	<p><b>Vigilance</b></p> <p><b>Prélèvements excessifs d'animaux et de végétaux</b></p> <p><b>Modification de milieu de vie</b></p> <p><b>Modification du patrimoine génétique</b></p> <p><b>biodiversité</b></p>	<p><b>A l'égard</b></p> <p><b>Ou</b></p> <p><b>Ou</b></p> <p><b>Nécessaire pour éviter de porter atteinte</b></p>

Proposition de mises en relation implicites :

Via la notion de vigilance, nous proposons une mise en relation implicite des notions de « prélèvements excessifs d'animaux et de végétaux », de « modification de milieu de vie » et de « modification du patrimoine génétique » avec la notion de « biodiversité »

**Tableaux 66 : Eléments pour une proposition de mise en relation entre l'unité d'analyse incluant la notion de « modifications du patrimoine génétique », les tâches associées, leurs références et les visées et tâches du thème et leurs références : cohérence thématique**

**Tableau 66.a :** Organisation du thème E de la classe de 3ème

<b>3-E : E- Responsabilité humaine : santé et environnement</b>	
<b>La société en général, chaque citoyen en particulier, a une responsabilité à l'égard de la santé. La société organise la solidarité dans le domaine de la santé publique. (3-E-1)</b>	<b>L'Homme en général, chaque citoyen en particulier, a une responsabilité à l'égard de l'environnement à l'échelle de la planète, garant de sa santé (3-E-2)</b>
	<b>S-3-E-2.2.a</b> <b>Une vigilance à l'égard des prélèvements excessifs d'animaux et de végétaux, des modifications de milieux de vie ou du patrimoine génétique est nécessaire pour éviter de porter atteinte à la biodiversité</b>

**Tableau 66.b** : Des visées du thème à la compétence du thème E de la classe de 3ème

<b>Enoncés relatifs aux visées du thème de la partie E</b>	<b><u>Proposition d'interprétation en termes de visées et de finalité</u></b>	<b>Proposition de référence</b>
<p>V-3-E.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- éduquer à la responsabilité (objectif important des SVT en collège)</li> <li>- Mobilisant et approfondissant si nécessaire des bases scientifiques acquises, elle fonde sur celles-ci une réflexion sur les responsabilités individuelles et collectives dans ce domaine</li> </ul> <p>(DA conforme)</p>	<p><b>finalité:</b> Eduquer à la responsabilité</p> <p><b>visée</b> fonder sur les bases scientifiques (à mobiliser ou à approfondir) une réflexion sur les responsabilités individuelles et collectives</p>	<p>Citoyenne « rationnelle »</p>
<p><u>Compétence de la partie 2 :</u> <b>discuter sur des bases scientifiques de la responsabilité de l'Homme quant aux conséquences de ses activités sur l'environnement à l'échelle de la planète</b></p>	<p><b><u>discuter sur des bases scientifiques de la responsabilité de l'Homme quant aux conséquences de ses activités sur l'environnement à l'échelle de la planète</u></b></p>	<p>4</p>
<p><u>Compétence associée à l'unité d'analyse :</u> Expliquer le rôle de l'Homme dans la gestion de la biodiversité</p>	<p>Expliquer le rôle de l'Homme dans la gestion de la biodiversité</p>	

**Commentaires :**

L'introduction du programme du thème E précise que sa finalité est l'éducation à la responsabilité. La visée de cette partie est de fonder sur les bases scientifiques acquises une réflexion sur les responsabilités individuelles et collectives.

Les documents d'accompagnement explicitent en quoi les SVT contribuent à une éducation à la responsabilité :

**en abordant des problèmes liés** à la responsabilité humaine en matière de santé et d'environnement ;

**la dimension éducative** est associée à l'engagement, à partir des bases scientifiques acquises dans l'ensemble de la scolarité au collège, d'une réflexion sur les responsabilités individuelles et collectives dans les domaines de la santé et de l'environnement

Cette visée et cette finalité se réfèrent à une citoyenneté « rationnelle ».

Compétence de la partie 2 :

« **Discuter sur des bases scientifiques de la responsabilité de l'Homme quant aux conséquences de ses activités sur l'environnement à l'échelle de la planète** »

Compétence associée à l'unité d'analyse :

« **Expliquer le rôle de l'Homme dans la gestion de la biodiversité** »

**Cette compétence se réfère à nouveau à une citoyenneté rationnelle.**

**Tableau 66.c :** Les tâches : des démarches d'enseignement du thème aux tâches du thème E de la classe de 3ème

Enoncés relatifs aux visées du thème de la partie E (programmes et documents d'accompagnement)	Proposition de démarche d'enseignement, outils, support	Proposition de référence
<p><b><i>DA-A-3-E</i></b></p> <p><i>L'approche pédagogique de cette partie du programme est précisée par la formulation des compétences à développer chez les élèves :</i></p> <p><b>V-3-E-1/2</b></p> <p><u>Compétence E.1</u> : justifier sur la base de données scientifiques, le bien fondé de mesures prises dans le domaine de la santé.</p> <p><b><u>Compétence E.2</u> : discuter sur des bases</b></p>	<p><b><u>Tâche</u></b> : sur la base de données scientifiques :</p> <p>-justifier le bien fondé de mesures prises dans le domaine de la santé</p>	<p>Citoyenne « rationnelle »</p>

<p><b>scientifiques de la responsabilité de l'Homme quant aux conséquences de ses activités sur l'environnement à l'échelle de la planète</b></p> <p><i>DA-A-3-E</i></p> <p><i>Les objectifs visés impliquent des stratégies pédagogiques adaptées :</i></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- <i>implication des élèves dans des actions concrètes et réalistes d'utilité collective, conduites selon une démarche de projet</i></li> <li>- <i>mis en place de travaux de groupe avec répartition des tâches et prises de responsabilité</i></li> <li>- <i>travail autonome hors de la classe notamment au CDI</i></li> <li>-</li> </ul> <p><i>La dimension éducative sera amplifiée si un lien cohérent est réalisé entre les programmes de sciences de la vie et de la Terre, d'éducation civique et de physique chimie. Une approche pluridisciplinaire, s'appuyant sur un axe fort du projet d'établissement, doit donc être recherchée.</i></p> <p>Pour l'ensemble de cette partie : liaison avec : Education civique, programme de 3<sup>e</sup>- Les question d'éthique (bioéthique)</p> <p><i>Démarche de projet</i></p> <p><i>Approche pluridisciplinaire</i></p> <p><i>DA-A-3-E</i></p>	<p>-discuter la responsabilité de l'homme quant aux conséquences de ses activités sur l'environnement à l'échelle de la planète</p> <p>Démarche de projet</p> <p>approche pluridisciplinaire</p>	<p>Citoyenne</p> <p>citoyenne</p>
<p>A-3-E</p>	<p><b><u>Objets d'études</u></b></p>	<p>Citoyenne</p>

Aspects choisis pour leur importance dans la vie de chaque citoyen et parce qu'ils se relient à des sujets déjà étudiés	importance dans la vie de chaque citoyen et parce qu'ils se relient à des sujets déjà étudiés	scolaire
---	---	----------

Commentaire :

La démarche retenue pour cette partie du programme et explicitée dans les documents d'accompagnement est la démarche de projet qui s'inscrit dans le cadre d'une approche pluridisciplinaire (documents d'accompagnement (DA), et programmes (dimensions éthiques))

Le programme précise que les objets d'étude ont été sélectionnés selon un double critère :

- importance dans la vie de chaque citoyen (référence à des problématiques de pratiques citoyenne) et parce qu'ils se relient à des sujets déjà étudiés (A-3-E) (référence à des pratiques de construction de programmes)

Il est intéressant de constater que la formulation des tâches pour la partie santé du thème et la partie environnement n'est pas la même.

Pour la partie santé, il s'agit de « justifier le bien fondé de mesures prises dans le domaine de la santé ».

Alors que pour la partie environnement, il s'agit de « discuter la responsabilité de l'homme quant aux conséquences de ses activités sur l'environnement à l'échelle de la planète »

Cette différence de formulation des tâches est présente dans le titre donné à chacune des deux parties.

Les visées différentes de ces deux compétences font écho aux titres des deux parties :

**Partie 1 : La société en général, chaque citoyen en particulier, a une responsabilité à l'égard de la santé. La société organise la solidarité dans le domaine de la santé publique. (3-E-1)**

**Partie 2 : L'Homme en général, chaque citoyen en particulier, a une responsabilité à l'égard de l'environnement à l'échelle de la planète, garant de sa santé (3-E-2)**

**Si les deux parties se réfèrent à des thèmes d'intérêt pour le citoyen, elles se réfèrent à différents types de responsabilité pour la santé et pour l'environnement.**

**Pour la santé, c'est la responsabilité de la société et du citoyen qui est évoqué alors que pour l'environnement c'est celle de l'humanité et du citoyen. Par ailleurs l'impact de l'environnement sur la santé est souligné.**

Deux tâches sont proposées en relation avec cette unité d'analyse

Enoncés relatifs aux tâches associées à l'unité d'analyse	Proposition de tâche, outils, objet,	Proposition de référence
I-Ra-Comparaison du nombre d'espèces dans deux milieux différents (urbains et forestier) ou dans un milieu à des époques différentes	Objet : nombre d'espèces de milieux différents ou d'un même milieu à des époques différentes Tâche : comparaison	écologie
Ra-Etude du règlement d'un parc naturel	Objet : règlement d'un parc naturel Tâche : étude	Citoyenne « rationnelle »

**Commentaire :**

Les deux tâches proposées en relation avec l'unité d'analyse incluant la notion de « modification du patrimoine génétique » se réfère pour l'une à des pratiques d'écologie et pour l'autre à des pratiques citoyennes rationnelles.

**Document 16** : Prise en charge des unités d'analyse se référant à des pratiques de recherche s'inscrivant dans la nouvelle vision (thème A, classe de 3<sup>ème</sup>)

**Tableau 67.a** : Eléments pour une proposition de représentation graphique d'un réseau notionnel pour les unités d'analyse s'inscrivant dans la nouvelle vision (partie 1, thème A, classe de 3<sup>ème</sup>)

Examen des savoirs de la colonne « contenus- notions » de la 1<sup>ère</sup> partie du thème A, en vue de proposer un réseau notionnel.

Unité d'analyse	Proposition de notion	Proposition de relation sémantique
<b>S-3-A-1.a</b> <u>Chaque individu présente les caractères de l'espèce avec des variations qui lui sont propres</u>	Individu Caractère espèce Variations qui lui sont propres	.présente
<b>S-3-A-1.b</b> <u>C'est le résultat de l'expression de son programme génétique et de l'influence des conditions de vie</u>	Expression de son programme génétique Influence des conditions de vie	Résultat de et
<b>S-3-A-1.c</b> Les caractères qui se retrouvent dans les générations successives sont des <u>caractères héréditaires</u>	<b>Caractère héréditaire</b>	<b>définition</b>
<b>S-3-A-1.d</b> Les <u>conditions de vie</u> peuvent modifier certains <u>caractères</u> . Ces <u>modifications ne sont pas héréditaires</u>	<b>Conditions de vie</b> <b>Caractère</b> <b>Modifications pas héréditaires</b>	<b>Peuvent modifier propriété</b>
<b>S-3-A-1.e</b> Les <u>chromosomes</u> sont le support du <u>programme génétique</u>	Chromosomes Programme génétique	<b>Sont le support</b>
<b>S-3-A-1.f</b>		

Toujours <u>présents dans le noyau</u> , ils sont facilement observables lors de la <u>division cellulaire</u>		<b>Caractérisation des chromosomes</b>
<b>S-3-A-1.g</b> Les <u>êtres humains</u> possèdent 23 paires de <u>chromosomes</u> , l'une d'elle présente des <u>caractéristiques différentes selon le sexe</u>	Chromosomes humains  Chromosomes sexuels	<b>nombre</b>
<b>S-3-A-1.h</b> Un <u>nombre anormal de chromosome</u> empêche le <u>développement de l'embryon</u> ou entraîne des <u>anomalies</u> chez l'individu concerné	Nombre anormal de chromosome  Développement normal  Ou anomalies	<b>Empêche</b>

**Éléments pour une proposition de mise en relation entre les unités d'analyse se référant à des pratiques de recherche s'inscrivant dans la nouvelle vision, les tâches associées, leurs références et les visées et tâches du thème et leurs références : cohérence thématique**

**Tableau 67.b :** Organisation du thème A de la classe de 3ème

<b>3-E-A : A- Unité et diversité des êtres humains</b>			
<b>3-A-1 – Partie 1</b> Chaque individu présente les caractères de l'espèce avec des variations qui lui sont propres. <u>C'est le résultat de l'expression de son programme génétique et de l'influence des conditions de vie</u>	<b>3-A-2.a – Partie 2</b> Les cellules de l'organisme à l'exception des gamètes, possèdent les mêmes chromosomes que la cellule-œuf dont elles dérivent par division successives	<b>3-A-3.a – Partie 3</b> Les chromosomes portent les gènes, unités d'information génétique qui déterminent les caractères héréditaires	<b>3-A-4.a – Partie 4</b> Chaque individu issu de la reproduction sexuée possède un programme génétique qui contribue à le rendre unique

**Tableau 67.c** : Les visées du thème A de la classe de 3ème

Enoncés relatifs aux visées du thème de la partie E	<b><u>Proposition d'interprétation en termes de visées et de finalité</u></b>	Proposition de référence
V-3 « <b>la partie A prévoit une présentation simple du déterminisme génétique, interférant avec l'influence des conditions de vie</b> »	<b><u>Visée :</u></b> montrer l'interaction du déterminisme génétique et de l'influence des conditions de vie	1.5
V- 3-A.1 permettre une première explication de l'unité de l'espèce et de l'unicité de chaque être humain grâce à l'introduction de la notion de <b>programme génétique</b>	<b><u>Finalité :</u></b> Expliquer unité de l'espèce et diversité de chaque être humain  <b><u>Visées :</u></b>	
V- 3-A.2 <b>l'influence des conditions de vie sur l'expression des caractères individuels est soulignée à travers un ou deux ex simples</b>	Souligner l'influence des conditions de vie sur l'expression des caractères individuels	1.5
V- 3-A.3 aborder le plus concrètement possible la relation entre information génétique et chromosome, l'existence d'une information génétique considérée comme identique dans toutes les cellules somatiques de l'organisme, la transmission de l'information génétique, la création de la diversité	Aborder la relation entre information génétique/ chromosome Information génétique dans les cellules Transmission de l'information génétique et diversité Notion de programme génétique	1.6

Pour une même finalité, deux types de visées se distinguent, une centrée sur l'influence des conditions de vie et l'autre sur l'information génétique sa nature, sa présence dans les différentes cellules, les modalités de sa transmission, de son expression (programme génétique). Les savoirs auxquels se réfèrent ces deux unités d'analyse relèvent de pratiques de recherche en tension du point de vue de leur inscription dans les différentes visions (influence

des conditions de vie s'inscrit plutôt dans la nouvelle vision alors que la notion de programme génétique s'inscrit plutôt dans la vision informationnelle)

Une visée présente dans l'introduction du programme explicite la volonté de montrer l'interaction entre le déterminisme génétique et l'influence du milieu : «[...] **la partie A prévoit une présentation simple du déterminisme génétique, interférant avec l'influence des conditions de vie** » V-3 Cette visée si elle englobe la visée du thème sur l'influence du milieu ne reprend que partiellement la visée sur l'information génétique.

**Document 17 :** Prise en charge de la notion de « transgénèse » par le programme de la classe de 2<sup>nd</sup>e

**Tableau 68.a :** Eléments pour une proposition de représentation graphique d'un réseau notionnel incluant la notion de transgénèse (thème II, partie 2, classe de 2<sup>nd</sup>e)

Examen de la deuxième partie du thème II de biologie, en vue de proposer un réseau notionnel incluant la notion de « transgénèse ».

Unité d'analyse	Proposition de notion	Proposition de relation sémantique
S-2-B-II-2.a <b>La <u>transgénèse</u></b> repose sur l' <u>universalité</u> de la molécule d' <u>ADN</u> en tant que <u>support</u> de l' <u>information génétique</u> .	Transgénèse Universalité ADN (support information génétique)	repose
S-2-B-II-2.b <b>Chaque <u>chromosome</u> contient une molécule d'<u>ADN</u> qui porte de nombreux gènes</b>	Chromosome Molécule d'ADN gènes	Contient Qui porte
S-2-B-II-2.c L' <u>ADN</u> est formé de deux chaînes complémentaires de <u>nucléotides</u> (A, T, C, G)	ADN Deux chaînes complémentaires de nucléotides	formé
S-2-B-II-2.d <b>La <u>séquence des nucléotides</u></b> au sein d'un gène constitue un <u>message</u>	Séquence des nucléotides Gène message	Au sein constitue
S-2-B-II-2.e gène <b>Les <u>allèles</u></b> ont pour origine des <u>mutations</u> qui modifient la <u>séquence</u> de l'ADN.	Allèles Mutations La séquence de l'ADN	Ont pour origine Qui modifient
S-2-B-II-2.f Les <u>mutations</u> introduisent une <u>variabilité</u> de l' <u>information génétique</u> Leurs <u>conséquences</u> des <u>mutations</u> sont différentes selon qu'elles touchent les cellules somatiques ou germinales	Mutations Variabilité de l'information génétique  Selon qu'elles touchent les cellules somatiques ou germinales	Introduisent  a Des conséquences différentes

**Eléments pour une proposition de mise en relation entre les unités d'analyse incluant la notion de « transgénèse », leurs références et les visées du thème et leurs références : cohérence thématique (2<sup>nde</sup>)**

**Tableau 68.b** : Organisation du thème II de la classe de 2<sup>nde</sup>

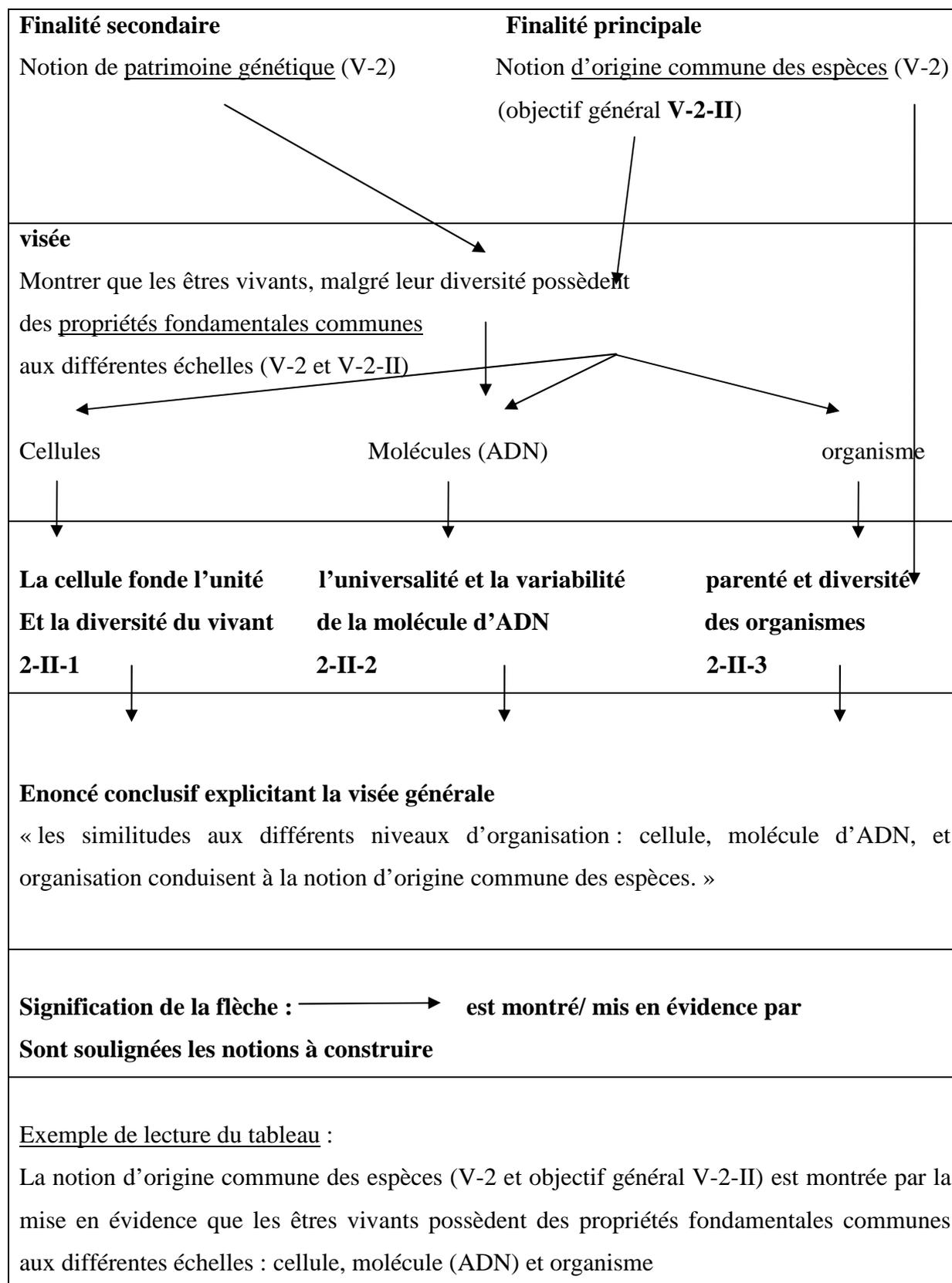
Thème II : cellule, ADN et unité du vivant

Partie 1	Partie 2	Partie 3
La cellule fonde l'unité	l'universalité et la variabilité	parenté et diversité
Et la diversité du vivant	de la molécule d'ADN	des organismes

**Tableau 68.c** : Les visées : des visées du thème II de la classe de 2<sup>nde</sup>

Enoncés relatifs aux visées du thème de la partie E	Proposition d'interprétation en termes de visées et de finalités	Proposition de référence
<p><b>V-2 (introduction du programme de 2<sup>nde</sup>)</b> Prendre conscience des apparentements constatés à l'échelle des cellules, de la molécule d'ADN et des organismes permet de <u>dégager notion de patrimoine génétique et d'origine commune</u> des espèces</p>	<p><b>Finalités :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>dégager notion de patrimoine génétique</li> <li>dégager la notion d'origine commune des espèces</li> </ul> <p><b>visée :</b> prendre conscience des apparentements constatés aux différents niveaux d'organisation : cellule, ADN, organisme</p>	Scientifique
<p><b>V-2-II</b> L'objectif général est de dégager la <u>notion d'origine commune des espèces</u> qui conforte l'idée d'évolution déjà introduite au collège.</p>		Se réfèrent à des savoirs de pratiques de recherche : - en évolution - en génétique (patrimoine génétique)
<p><b>V-2-II</b> <b>Les études portent sur différents niveaux d'organisation : cellule molécule et organisme</b> Elles montrent que malgré l'extraordinaire diversité des êtres vivants, ils possèdent des propriétés fondamentales communes</p>		Se réfèrent à des savoirs de pratiques de recherche : - en biologie cellulaire ; - en biologie moléculaire - en embryologie

**Tableau 68.d** : Proposition d'organigramme des visées du programme articulées aux différentes parties du thème II de la classe de 2nde



**Tableau 68.e** : Les documents d'accompagnement du de la partie 2 du thème II de la classe de 2nde

Des visées intermédiaires

Enoncés relatifs aux visées de la partie 2 du thème II <i>Documents d'accompagnement</i> et programme	<b>Proposition de visées</b>	Proposition de référence
<p><b>DA-V-2-B-II-b/c/d</b></p> <p><i>-« L'universalité de la présence de cellules comme unités élémentaires des organismes, et donc l'existence de caractéristiques structurales et fonctionnelles communes, malgré la diversité des types cellulaires et de leurs activités individuelles ;</i></p> <p><i>- L'universalité de la nature du support de l'information génétique et l'origine de la variabilité génétique ;</i></p> <p><i>- L'apparement des organismes au niveau de leurs plans d'organisation et des modalités de leur développement. »</i></p>	<p>Visées intermédiaire</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- caractéristiques structurales et fonctionnelles communes malgré diversité types cellulaires et activités individuelles</li> <li>- L'universalité de la nature du support de l'information génétique et l'origine de la variabilité génétique</li> <li>- L'apparement des organismes au niveau de leurs plans d'organisation et des modalités de leur développement</li> </ul>	<p>Pratiques de recherche</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- en biologie cellulaire</li> <li>- en biologie moléculaire</li> <li>- en embryologie</li> </ul>

Il est à noter que pour la partie 2-II-2, ce n'est pas la variabilité génétique qui est visée mais son origine.

Pour la partie 2-II-3, l'idée de diversité est absente.

Par ailleurs alors que la visée générale rappelée dans les documents d'accompagnement comme dans les programmes se réfère à l'évolution, les visées des parties élaborées pour l'atteindre se réfèrent à différentes autres pratiques scientifiques relevant de domaines disciplinaires différents.

Ces visées intermédiaires seront ajoutées sur le bilan final des visées.

<p>Enoncés relatifs aux visées de la partie 2 du thème II</p> <p><i>Documents d'accompagnement</i> et programme</p>	<p><b><u>Proposition de finalité et de visées</u></b></p>	<p>Proposition de référence</p>
<p><b><i>DA-V-2-B-II.e</i></b></p> <p><i>« Cette partie du programme a également pour objectif de donner une <b>culture générale scientifique</b> à ceux qui ne continueront pas l'étude des Sciences de la Vie et de la Terre. Certains aspects de cette culture générale (tels ceux concernant les propriétés fondamentales de la vie, le rôle de l'ADN en tant que support de l'information génétique et sa modification par des agents de l'environnement (mutations) ou par l'homme (transgénèse), l'origine commune des espèces, la place de l'homme au sein du monde vivant...) sont indispensables à la <u>compréhension de certains enjeux philosophiques, éthiques, sociaux et économiques de notre époque et des prochaines décennies.</u> »</i></p>	<p><u>Visée culturelle</u></p> <p><u>Donner une culture générale scientifique</u> le rôle de l'ADN en tant que support de l'information génétique <b>et sa modification</b> par des <b>agents de l'environnement (mutations)</b> ou <b>par l'homme (transgénèse)</b></p> <p><u>finalité citoyenne</u>: pour comprendre « certains enjeux philosophiques, éthiques, sociaux et économiques de notre époque et des prochaines décennies. »</p>	<p>Référence citoyenne rationnelle</p>

**Tableau 68.f :** Proposition d'organigramme des visées formulées par le programme et par les documents d'accompagnement (2<sup>nd</sup>e)

<p>Notion de patrimoine génétique (V-2)</p> <p>Montrer que les êtres vivants, malgré leur diversité possèdent des propriétés fondamentales communes aux différentes échelles (V-2 ; V-2-II : <b>DA-V-2-B-II-a</b>)</p> <p>Cellules</p> <p>Molécules (ADN)</p> <p>organisme</p>	<p>Notion d'origine commune des espèces (V-2) (objectif général <b>V-2-II</b>) (<b>DA-V-2-B-II-a</b>)</p> <p>L'universalité de la nature du support de l'information génétique et l'origine de la variabilité génétique DA-V-2-B-II-c</p> <p>L'appareil des organismes au niveau de leurs plans d'organisation et des modalités de leur développement DA-V-2-B-II-d</p> <p>le rôle de l'ADN en tant que support de l'information génétique et sa modification par des agents de l'environnement (mutations) ou par l'homme (transgénèse) <b>DA-V-2-B-II.e</b></p> <p>la place de l'homme au sein du monde vivant (<b>DA-V-2-B-II.e</b>)</p> <p>parenté et diversité des organismes 2-II-3</p> <p>l'origine commune des espèces (<b>DA-V-2-B-II.e</b>) ?</p>	<p><u>Donner une culture générale scientifique avec une visée citoyenne</u></p> <p><b>DA-V-2-B-II.e</b></p>
<p>La cellule fonde l'unité et la diversité du vivant 2-II-1</p> <p>Enoncé conclusif explicitant la visée générale « les similitudes aux différents niveaux d'organisation : cellule, molécule d'ADN, et organisation conduisent à la notion d'origine commune des espèces. »</p>	<p>l'universalité et la variabilité de la molécule d'ADN 2-II-2</p>	<p>est montré/ mis en évidence par</p> <p>Sont soulignées les notions à construire</p>

## **Conclusion :**

La prise en compte des documents d'accompagnement confirme que la **finalité principale** est bien la notion d'origine commune des espèces.

Les trois visées intermédiaires sont rappelées et même explicitées. Néanmoins si l'explicitation des thèmes traités dans chaque partie précise les propriétés communes fondamentales, les éléments concernant la diversité pour les parties 2 et 3 relèvent de façon moins évidente de la visée intermédiaire soit ils ne sont pas explicités (2-II-3) soit ils indiquent une centration sur son origine pour la variabilité génétique. Par ailleurs, ces visées intermédiaires se réfèrent à des pratiques scientifiques qui ne relèvent pas que du domaine disciplinaire de l'évolution. La visée intermédiaire 1 se réfère plutôt à la biologie cellulaire, la 2 à la biologie moléculaire et la 3 à l'évolution (zoologie comparée) et à la biologie du développement.

**La finalité secondaire** « notion de patrimoine génétique » n'est pas reprise dans les documents d'accompagnement.

Par contre, une nouvelle visée « de culture générale scientifique » à finalité citoyenne est introduite. Des éléments de précision sont apportés concernant les parties 1 et 2 et concernant la conclusion.

Ils reprennent les thématiques de ces parties en insistant sur certains points pouvant relever de la culture générale et qui se réfèrent à des pratiques relevant des domaines de références des visées intermédiaires même si ici ce ne sont pas les pratiques scientifiques qui sont prise comme référence mais les pratiques citoyennes. Il nous semble en raison de son absence du programme et de son adjonction sur une architecture de visées construite autour de la visée centrale, qu'il s'agit également d'une **finalité secondaire**.

**Document 18** : Prise en charge d'énoncés des documents d'accompagnement de 2<sup>nde</sup> se référant à des pratiques s'inscrivant dans la nouvelle vision (thème II, partie 3)

**Tableau 69** : Examen des contenus de la partie 3 du thème II du programme et des énoncés des *documents d'accompagnement* qui leur sont associés (classe de 2<sup>nde</sup>)

référence	Contenu des programmes partie 3 thème II	Documents d'accompagnement associés	référence
Zoologie comparée	Les Vertébrés présentent des similitudes anatomiques qui se traduisent par un <u>plan d'organisation commun</u> : <u>axes de polarité</u> [...], <u>disposition des principaux organes</u> par rapport à ces axes		
Génétique du développement (vision informationnelle)	S-2-B-II-3.a Le <u>développement embryonnaire</u> conduit à la mise en place du <u>plan d'organisation</u> en suivant un <b><u>programme génétiquement déterminé</u></b>	<b>DA-S-2-B-II-3.a</b> <i>« L'étude des axes de polarité est importante car ce sont par rapport à ces axes, mis en place très tôt au cours du développement, que s'organise l'embryon puis l'organisme tout entier. En effet, le devenir de chaque cellule (division, mort, différenciation, migration) dépend non seulement de son patrimoine génétique (propre à l'organisme auquel elle appartient) mais aussi de sa position dans l'embryon. Cette information positionnelle résulte de l'intégration des signaux reçus des cellules voisines et va déboucher sur l'expression différentielle et partielle de son patrimoine génétique. »</i> <b>DA-S-2-B-II-3.b.</b> <i>« La constance des modalités de développement au sein de chaque espèce est la conséquence de la réalisation d'un programme</i>	Pratiques s'inscrivant dans la nouvelle vision



		<i>appartiennent et contrôlent ainsi le type d'organe mis en place le long de l'axe antéro-postérieur. »</i>	
	S-2-B-II-3.c les similitudes aux différents niveaux d'organisation : cellule, molécule d'ADN et organisme conduisent à la notion d'origine commune des espèces.		

**Document 19 :** Examen des finalités, visées, tâches et références explicitées pour les thèmes au choix de la classe de 2nde. Des références seront le cas échéant proposées

**Tableau 70 :** Finalités et visées des thèmes au choix (2<sup>nde</sup>)

Introduction du programme de seconde (extraits) et des documents d'accompagnement	Proposition de visées de finalités	Proposition de référence
Des visées		
<i>DA-V-2-T.</i> <i>Ils permettent de prolonger ou d'enrichir les notions et les contenus du programme, sans introduction de nouvelles notions fondamentales</i>	<b>finalité</b> Prolonger et enrichir les notions et contenus du programme	Référence flexible
<b>A-2-V</b> Le sujet peut être la mise en relation de deux points, apparemment éloignés du programme, ou un développement de celui-ci sans introduction de nouvelles notions fondamentales ou <u>un travail expérimental particulier</u> . Les documents d'accompagnement proposeront des exemples de sujets	<b>visées</b> - assurer un développement d'un point du programme sans introduction de nouvelles notions fondamentales - mettre en relation deux points apparemment éloignés du programme -	Référence
<i>DA-V-2-T</i> <i>A travers leur mise en œuvre (expérimentation, modélisation), l'élève prend le temps de construire (seul ou collectivement) un savoir, de consolider l'appropriation de méthodes et de techniques.</i>	<b>Visée :</b> Apprendre à construire un savoir, consolider l'appropriation de technique	Référence scientifique
<i>DA-A-2-T.a</i> <i>« La liste des activités au choix n'est pas exhaustive. Des sujets locaux ou d'actualité peuvent être introduits s'ils sont en rapport avec les notions et contenus du programme. Des sujets transversaux à l'interface des différentes disciplines s'inscrivent dans ce cadre.</i>	<b>Objet d'étude</b> Sujet local, d'actualité, transversaux en rapport avec les notions et contenus des programmes	

<p><b>DA-A-2-T.b</b>  <i>« Dans le cadre d'une large autonomie l'élève réinvestit certains aspects des <u>démarches scientifiques</u>.  A travers leur mise en œuvre (expérimentation, modélisation), l'élève prend le temps de construire (seul ou collectivement) un savoir, de consolider l'appropriation de méthodes et de techniques. C'est aussi l'occasion d'effectuer des recherches documentaires en utilisant les technologies d'information et de communication disponibles dans l'établissement. Ces recherches ne se limitent pas à de simples compilations. Elles doivent être mises en relation dans une démarche explicative. »</i></p>	<p><b>Démarche :</b>  <b>Mise en œuvre autonome d'une démarche scientifique</b></p>	<p><b>Référence scientifique</b></p>
---	---	--------------------------------------

**Document 20 :** Prise en charge de la notion de « transgénèse » dans le thème : « Une ressource naturelle : le bois » de la classe de 1<sup>ère</sup> ES

**Éléments pour une proposition de représentation graphique d'un réseau notionnel**

Examen de la première partie du thème « une ressource naturelle : le bois », en vue de proposer un réseau notionnel incluant la notion de « transgénèse ».

Les propositions de notions correspondent ici aux mots soulignées et les propositions de liens sémantiques aux flèches

**Tableau 71.a :** Organisation du thème

<b>1ES-TC-2 une ressource naturelle : le bois</b>		<b>Référence</b>
<b>1ES-TC-2.1 Le bois, un matériau d'usage courant</b>	<b>1ES-TC-2.2 Importance et gestion des écosystèmes forestiers</b>	
	<b>1ES-TC-2.2.1 Participation du bois aux grands équilibres de la planète</b>	<b>1ES-TC-2.2.3 Biotechnologies, la filière bois</b>
	La forêt participe aux cycles de l'eau et du carbone. Elle représente un stock biologique de carbone. Sa destruction massive par des phénomènes naturels ou par l'homme (incendies, combustion...) peut perturber ces grands cycles	<b>S-1ES -TC-2.2.3.a Les recherches actuelles en biotechnologie des espèces forestières</b> (transgénèse, conservation des ressources génétiques, interactions plantes/ micro-organismes) contribuent à améliorer les <b>conditions d'exploitation et d'utilisation des forêts</b>
	<b>1ES-TC-2.2.2 Activité industrielle et gestion des forêts</b>	
	La gestion d'une forêt doit assurer une production continue. Une mauvaise gestion ou une surexploitation conduisent à des déséquilibres des écosystèmes et peuvent avoir des conséquences importantes sur les sols	

**Tableau 71.b** : Eléments pour une proposition de réseau notionnel pour la partie 2.2 (1<sup>ère</sup> ES/ thème bois)

<b>Enoncés du programme découpés en unités d'analyse</b>	<b><i>Enoncés des documents d'accompagnement</i></b>
<p><b>1ES-TC-2.2.1</b></p> <p><b>Participation du bois aux grands équilibres de la planète.</b> <u>La forêt</u> participe aux <u>cycles de l'eau et du carbone</u>. Elle représente un <u>stock biologique de carbone</u>. Sa <u>destruction</u> massive par des phénomènes naturels ou par l'homme (incendies, combustion...) peut perturber ces <u>grands cycles</u></p>	<p><b><i>DA-S-IES -TC-2.2</i></b></p> <p><i>A cette occasion, il est loisible de préciser le rôle des forêts dans la <u>biodiversité</u>, tant pour ce qui concerne <u>les espèces végétales que les espèces animales et les sols</u>. Il s'agit de souligner les <u>interrelations entre les êtres vivants et les conséquences des activités humaines et des phénomènes naturels</u> en ne se limitant pas strictement au bois. <u>Les liens entre la biodiversité et les équilibres biologiques sont esquissés à cette occasion.</u></i></p>
<p><b>1ES-TC-2.2.2</b></p> <p><b>Activité industrielle et gestion des forêts .</b> <u>La gestion d'une forêt doit assurer une production continue</u>. Une <u>mauvaise gestion</u> ou une <u>surexploitation</u> conduisent à des <u>déséquilibres des écosystèmes</u> et peuvent avoir des conséquences importantes sur les <u>sols</u></p>	<p><b><i>Connaissances exigibles :</i></b></p> <p><i>2.2.1 : une forêt <u>en croissance</u> stocke du carbone essentiellement <u>sous forme de cellulose</u>.</i></p> <p><i><u>Influence d'une forêt en croissance, d'une forêt agée et d'une déforestation brutale sur la teneur en CO2 et O2 de l'atmosphère.</u></i></p> <p><i>La forêt, lieu de transit de l'eau, du sol à l'atmosphère.</i></p>
<p><b>Biotechnologies, la filière bois S-1ES -TC-2.2.3.a</b></p> <p><b>Les <u>recherches actuelles en biotechnologie</u> des espèces forestières</b> (<u>transgénèse</u>, conservation des ressources génétiques, interactions plantes/ micro-organismes) <u>contribuent à améliorer les</u></p>	<p><i>Déforestation et accélération du ruissellement, érosion de surface</i></p> <p><i>2.2.2 : nécessaire équilibre entre la croissance de la forêt et les prélèvements</i></p> <p><i>Relation entre âge et productivité</i></p> <p><i>2.2.3 : la forêt exploitée nécessite sélection, multiplication et diversification</i></p>

<b>conditions d'exploitation et d'utilisation des forêts</b>	<i>-principes utilisés en biotechnologie forestière (clonage, mycorhization, transgénèse</i>
--	--

## Cohérence thématique

**Tableau 71.c :** Les visées du thème « une ressource naturelle : le bois » et de la partie dans laquelle l'unité d'analyse relative à la transgénèse est insérée

Enoncés relatifs aux visées de l'enseignement scientifique de IES dans les programmes	<b>Proposition de finalités et de visées</b>	Proposition de références
<b>DA-V-IES-TC-2</b> <i>« Ce thème conduit les élèves à une prise de conscience des réalités économiques en rapport avec l'utilisation d'une ressource biologique. Il met aussi en évidence les incidences environnementales de ces activités industrielles. Cette étude à propos du bois constitue, de fait, une approche concrète d'une partie de la responsabilité citoyenne pour de futurs acteurs de la vie sociale et économique. »</i>	<u>Finalité (DA) 1</u> prendre conscience des réalités économiques en rapport avec l'utilisation d'une ressource biologique <u>finalité 2</u> mettre en évidence les incidences environnementales de ces activités industrielles <u>finalité 3</u> une approche concrète d'une partie de la responsabilité citoyenne pour de futurs acteurs de la vie sociale et économique.	
<b>V-1ES-TC-2</b> <u>1-dégager les propriétés physico-chimiques des structures du vivant en liaison avec leurs fonctions biologiques et leur utilisation en tant que matériau pour les activités humaines</u>	<b>V-1ES-TC-2</b> <u>Visée 1</u> dégager les propriétés physico-chimiques des structures du vivant en liaison avec leurs fonctions biologiques et leur utilisation	

<p><b>2- ce thème environnemental permet de dégager les principes d'une exploitation scientifique raisonnée et d'une protection de la biodiversité des ressources</b></p>	<p>en tant que matériau pour les activités humaines</p> <p><b><u>visée 2</u></b></p> <p>dégager les principes d'une exploitation scientifique raisonnée et d'une protection de la biodiversité des ressources</p>	
<p><b>DA-V-IES -TC-2.2</b></p> <p><i>Dans une seconde phase on ne focalise plus sur <u>la connaissance de l'objet biologique pour lui-même</u>, mais on s'intéresse à la ressource que constitue la forêt, exploitée par l'Homme et qu'il se doit de gérer.</i></p>	<p><b>DA-V-IES -TC-2.1</b></p> <p><b><u>Visée 1 :</u></b></p> <p><u>la connaissance de l'objet biologique pour lui-même</u></p> <p><b>DA-V-IES -TC-2.2</b></p> <p><u>visée 2 :</u> s'intéresse à la ressource que constitue la forêt, exploitée par l'Homme et qu'il se doit de gérer</p>	
<p><b>DA-A-IES-TC-2</b></p> <p><i>« sur le plan des travaux pratiques, de très nombreuses approches sont possibles ainsi que des approches concrètes du milieu industriel en rapport avec l'exploitation et l'utilisation du bois. Dans ce thème, de l'objet biologique aux cartes de végétation, en passant par toutes les échelles de l'analyse (de la molécule à la planète), chaque professeur met en place de nombreuses pratiques pédagogiques ouvertes à la problématique de la gestion d'une ressource renouvelable, en y intégrant l'ensemble des points de vue, qu'ils soient techniques ou</i></p>	<p><b><u>Nombreuses approches possible</u></b></p> <p><b><u>Approche concrète du milieu pratiques de références</u></b></p> <p><b><u>Objets</u></b></p> <p><b><u>Niveau d'étude</u></b></p> <p><b><u>Intégration des points de vue : techniques ou environnementaux</u></b></p>	

**Document 21 :** Prise en charge de la notion de « transgénèse » dans le thème « Du génotype au phénotype, applications biotechnologiques » de 1<sup>ère</sup> ES

**Tableau 72.a :** Eléments pour une proposition de représentation graphique d'un réseau notionnel (1<sup>ère</sup> ES/ thème génotype-phénotype/ partie 1)

Examen de la première partie du thème « Du génotype au phénotype, applications biotechnologiques », en vue de proposer un réseau notionnel incluant la notion de « transgénèse ».

Les propositions de notions correspondent ici aux mots soulignés et les propositions de liens sémantiques aux flèches

Enoncés du programme découpés en unités d'analyse	<i>Enoncés des documents d'accompagnement</i>
<p><b>S-1ES -TO-2.1.1.a</b></p> <p>Le <u>phénotype</u> peut se définir à différentes échelles : <u>macroscopique</u>, <u>cellulaire</u> et <u>moléculaire</u>.</p>	<p><b>DA-S/V-IES -TO-2.1.1.a</b></p> <p>« L'analyse des <u>phénotypes</u> à <u>différents niveaux d'organisation</u> du vivant conduit à rechercher leur <u>explication</u> à l'échelle <u>moléculaire</u> ; les <u>gènes</u> interviennent sur les <u>phénotypes</u> par l'intermédiaire <u>des protéines</u> qu'ils codent.</p>
<p><b>S-1ES -TO-2.1.2.a</b></p> <p>Les <u>gènes</u> sont des segments de la <u>molécule</u> d'ADN codants pour des <u>protéines</u></p> <p><b>S-1ES -TO-2.1.2.b</b></p> <p>La <u>séquence des nucléotides</u> de l'ADN gouverne la <u>séquence des acides aminés</u> dans la <u>protéine</u> selon un système de correspondance, le <u>code génétique</u></p>	<p><b>DA-S-IES -TO-2.1.2</b></p> <p>« Le seul objectif à atteindre est celui d'une <u>maîtrise élémentaire du code génétique</u> de façon à faire comprendre comment une <u>mutation au niveau de l'ADN</u> peut entraîner un <u>changement dans la séquence d'acides aminés de la protéine</u> et par conséquent, <u>éventuellement, dans ses propriétés.</u></p>
<p><b>S-1ES -TO-2.1.2.c</b></p> <p>Les <u>propriétés des protéines</u> dépendent de leur <u>séquence respective en acides aminés</u>.</p>	

<p><b>S-1ES -TO-2.1.2.d</b></p> <p>Ces <u>protéines</u>, en régissant la <u>structure</u> et les <u>activités cellulaires</u> et contribuent à <u>l'établissement du phénotype</u></p>	
<p><b>S-1ES -TO-2.1.2.e</b></p> <p>La modification du <u>génotype</u> d'un <u>organisme</u> par <u>transgénèse</u>, qui permet de produire de nouvelles <u>protéines</u>, repose sur <u>l'universalité du code génétique</u></p>	

**Eléments pour une proposition de mise en relation entre les unités d'analyse incluant la notion de « transgénèse », leurs références et les visées du thème et leurs références : cohérence thématique**

**Tableau 72.b :** Organisation du thème de 1<sup>ère</sup> ES

<p><b>Thème « Du génotype au phénotype, applications biotechnologiques «</b></p>	
<p><b>Partie 1 :</b></p> <p><b>1ES -TO-2.1</b></p> <p><b>De l'information génétique au phénotype- Applications</b></p>	<p><b>Partie 2</b></p> <p><b>1ES-TO-2.2</b></p> <p><b>Complexité des relations entre génotype et phénotype- applications</b></p>
<p><b>Unités d'analyse incluant la transgénèse</b></p>	

**Tableau 72.c :** Visées, références explicitées ou proposées dans le programme pour le thème obligatoire « du génotype au phénotype, applications biotechnologiques » 1ES-TO-2

Enoncés relatifs aux visées du thème « <b>du génotype au phénotype, applications biotechnologiques</b> » 1ES-TO-2 dans programmes	<b><u>Proposition de finalités et de visées</u></b>	Proposition de références
V-1ES -TO-2.a elle <b>précise</b> , <i>dans un premier temps</i> , les <b><u>mécanismes biologiques</u></b> assurant <u>l'expression de l'information génétique</u>	<u>Visée :</u> <u>expression de l'information biologique (mécanismes biologiques)</u> <i>ordre : dans un premier temps</i> <b>mode de traitement : préciser</b>	Références scientifiques 1.6
V-1ES -TO-2.b <i>Par la suite</i> , <b>à partir d'exemples</b> , elle <b>appréhende</b> la notion de <u>complexité des relations entre génotype et phénotype</u>	<u>Visée :</u> <u>Notion de complexité des relations entre génotype et phénotype</u> <i>Ordre : Par la suite</i> <b>Mode de traitement: à partir d'exemples, elle appréhende</b>	Références scientifiques 1.5
V-1ES -TO-2.c elle permet d'aborder une <b>réflexion critique</b> <u>sur l'étude des génomes et sur l'utilisation des biotechnologies particulièrement d'actualité dans le domaine biomédical et dans celui de l'éthique.</u>	<u>Visée :</u> <u>réflexion critique sur l'étude des génomes et sur l'utilisation des biotechnologies particulièrement d'actualité dans le domaine biomédical et dans celui de l'éthique.</u>	Référence citoyenne 4

**Tableau 72.d :** Apport des documents d'accompagnement pour les visées

Visées, références explicitées ou proposées dans les documents d'accompagnement pour le thème obligatoire « du génotype au phénotype, applications biotechnologiques » (1ES-TO-2), leurs sous-parties et rubriques

Enoncés relatifs aux visées du thème « <b>du génotype au phénotype, applications biotechnologiques</b> » 1ES-TO-2 dans les documents d'accompagnement	<b><u>Proposition de finalités et de visées</u></b>	Proposition de référence
<p><b>DA-V-IES -TO-2.a</b></p> <p><i>« L'objectif de ce thème du programme est l'étude des <u>relations existant entre le génotype d'un organisme et son phénotype</u> »</i></p>	<p><b><u>finalité</u></b></p> <p>étude des relations existant entre le génotype d'un organisme et son phénotype</p>	Référence scientifique
<p><b>DA-V-IES -TO-2.b</b></p> <p><i>Elle apporte des <u>éléments de raisonnement et de connaissance scientifique concernant le rôle des gènes et de l'environnement dans l'élaboration du phénotype.</u></i></p>	<p><b><u>Visée 2</u></b>: apport d'élément de connaissance et de raisonnement sur le rôle des gènes et de l'environnement dans l'élaboration du phénotype</p>	1.5
<p><b>DA-V-IES -TO-2.c</b></p> <p><i>et elle <u>conduit, à partir de ces connaissances</u>, à une réflexion sur les principales applications de la génétique moderne dans notre société. »</i></p>	<p>Visée 3 :</p> <p>Réflexion sur les principales applications de la génétique moderne dans notre société</p> <p>A partir des connaissances</p>	Référence citoyenne
<p><b>DA-S/V-IES -TO-2.1.1.a</b></p> <p><i>« L'analyse des phénotypes à différents niveaux d'organisation du vivant conduit à <u>rechercher leur explication à l'échelle moléculaire</u>; les gènes interviennent sur les phénotypes par l'intermédiaire des <u>protéines qu'ils codent.</u> »</i></p>	<p>Visée 1.1</p> <p>Rechercher l'explication des phénotypes des différents niveaux d'organisation à l'échelle moléculaire</p> <p>Visée 1.2</p>	1.5

<p><b>DA-S/V-IES-TO-2.1.2</b></p> <p><i>« Le seul objectif à atteindre est celui d'une maîtrise élémentaire du <u>code génétique</u> de façon à faire comprendre comment une <u>mutation au niveau de l'ADN</u> peut entraîner un <u>changement dans la séquence d'acides aminés de la protéine</u> et par conséquent, éventuellement, dans ses <u>propriétés.</u> »</i></p>	<p>Montrer que les gènes interviennent sur les phénotypes par l'intermédiaire des protéines qu'ils codent (code génétique)</p> <p>Montrer qu'une mutation au niveau de l'ADN peut entraîner un changement dans la séquence d'acides aminés de</p>	<p>1.6</p>
<p><b>DA-V-IES-TO-2.2.a/b/c/d</b></p> <p><i>La relation entre <u>l'information génétique (les gènes)</u> et le phénotype est établie via <u>l'étude la relation mutation-mutant et le codage de la séquence des protéines.</u> La part des gènes dans le phénotype est ensuite abordée sous l'angle de sa complexité.</i></p>	<p>la protéine et donc éventuellement sur ses propriétés.</p> <p>Visée2 : montrer la complexité de la part des gènes dans le phénotype</p>	<p>1.5</p>
<p><b>DA-V/S-IES-TO-2.2.e</b></p> <p><i>Cette partie expose les bases génétiques indispensables pour aborder deux implications de la génétique dans la société actuelle : la transgénèse d'une part et les diagnostics et les prédictions qui peuvent être faites à partir de l'identification de certains allèles d'autre part, permettant ainsi d'ouvrir une réflexion sur les enjeux et limites de ces applications (organismes génétiquement modifiés, diagnostic prénatal, médecine prédictive).</i></p>	<p>Explicitation de l'objectif citoyen :</p> <p>Aborder deux implications de la génétique dans la société actuelle à partir des bases génétiques exposées avant</p> <p>Ouvrir une réflexion sur les enjeux et limites de ces applications :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>-les OGM pour la transgénèse</li> <li>-le diagnostic prénatal et la médecine prédictive pour les prédictions faites à partir de l'identification de certains allèles</li> </ul>	

**Document 22** : Prise en charge des unités d'analyse du programme de 1<sup>ère</sup> ES se référant à des pratiques de recherche s'inscrivant dans la nouvelle vision

**Tableau 73** : Eléments pour une proposition de représentation graphique d'un réseau notionnel (1<sup>ère</sup> ES/ génotype-phénotype/ partie 2)

Examen de la première partie du thème « du génotype au phénotype, applications biotechnologiques », en vue de proposer un réseau notionnel incluant la notion de « transgénèse ».

Les propositions de notions correspondent ici aux mots soulignés et les propositions de liens sémantiques aux flèches.

<b>Enoncés du programme découpés en unités d'analyse</b>	<b><i>Enoncés des documents d'accompagnement</i></b>
<p><b>S-1ES-TO-2.2.a</b> Un <u>phénotype macroscopique</u> donné résulte de <u>processus biologiques</u> gouvernés par <u>l'expression de plusieurs gènes</u>.</p>	<p><b><i>DA-S-1ES-TO-2.2.a/b/c/d</i></b> <i>Ainsi, la gravité des maladies classiquement considérées comme « monogéniques » (telles la drépanocytose ou la phénylcétonurie) peut être modulée par certains <u>allèles de gènes dits « modificateurs »</u> : <u>l'effet d'un gène sur le phénotype dépend du reste du génotype</u>. En outre <u>l'expression phénotypique du génotype est modulée par les facteurs de l'environnement</u>.</i></p>
<p><b>S-1ES-TO-2.2.b</b> <u>La mutation de l'un seul de ces gènes</u> peut <b>altérer ce phénotype</b>.</p>	<p><i>En définitive, le <u>phénotype unique de chaque individu</u>, son état de santé, dépendent de <u>l'interaction complexe entre gènes et facteurs de l'environnement</u>. »</i></p>
<p><b>S-1ES-TO-2.2.c</b> Un même <u>phénotype</u> peut correspondre à <u>plusieurs génotypes</u></p>	<p><b><i>Connaissances exigibles :</i></b> <i>-différents génotypes pour un même phénotype : <u>dominance, récessivité</u> (écriture de génotypes) -implication de <u>plusieurs gènes</u> dans la détermination d'un caractère</i></p>
<p><b>S-1ES-TO-2.2.d</b> La <u>réalisation d'un phénotype macroscopique</u> dépend de <u>l'interaction de plusieurs gènes entre eux</u> et <b>avec les facteurs de l'environnement</b></p>	<p><i>-rôle <u>des interactions génétiques</u> (interaction de plusieurs gènes entre eux) ainsi que des <u>facteurs</u></i></p>
<p><b>S-1ES-TO-2.2.e</b> <u>La médecine prédictive et diagnostic prénatal</u> ont pour but de <b>détecter la</b></p>	

<p>présence de certains allèles chez un individu</p>	<p><i>de l'environnement dans la réalisation d'un phénotype macroscopique</i></p> <p><i>-utilisation de la <u>détection de la présence de certains allèles chez un individu pour le diagnostic prénatal et en médecine prédictive</u></i></p> <p><b>DA-V-IES-TO-2.2.e</b></p> <p><i>Cette partie expose les bases génétiques indispensables pour aborder deux implications de la génétique dans la société actuelle : les diagnostics et les prédictions qui peuvent être faites à partir de l'identification de certains allèles d'autre part, permettant ainsi d'ouvrir une réflexion sur les enjeux et limites de ces applications (diagnostic prénatal, médecine prédictive).</i></p>
--	---

## Réseau notionnel de la partie 2

Les trois notions centrales (celles les plus mises en relation) sont gène, génotype et phénotype.

### Apports des documents d'accompagnement :

#### Explicitation du programme

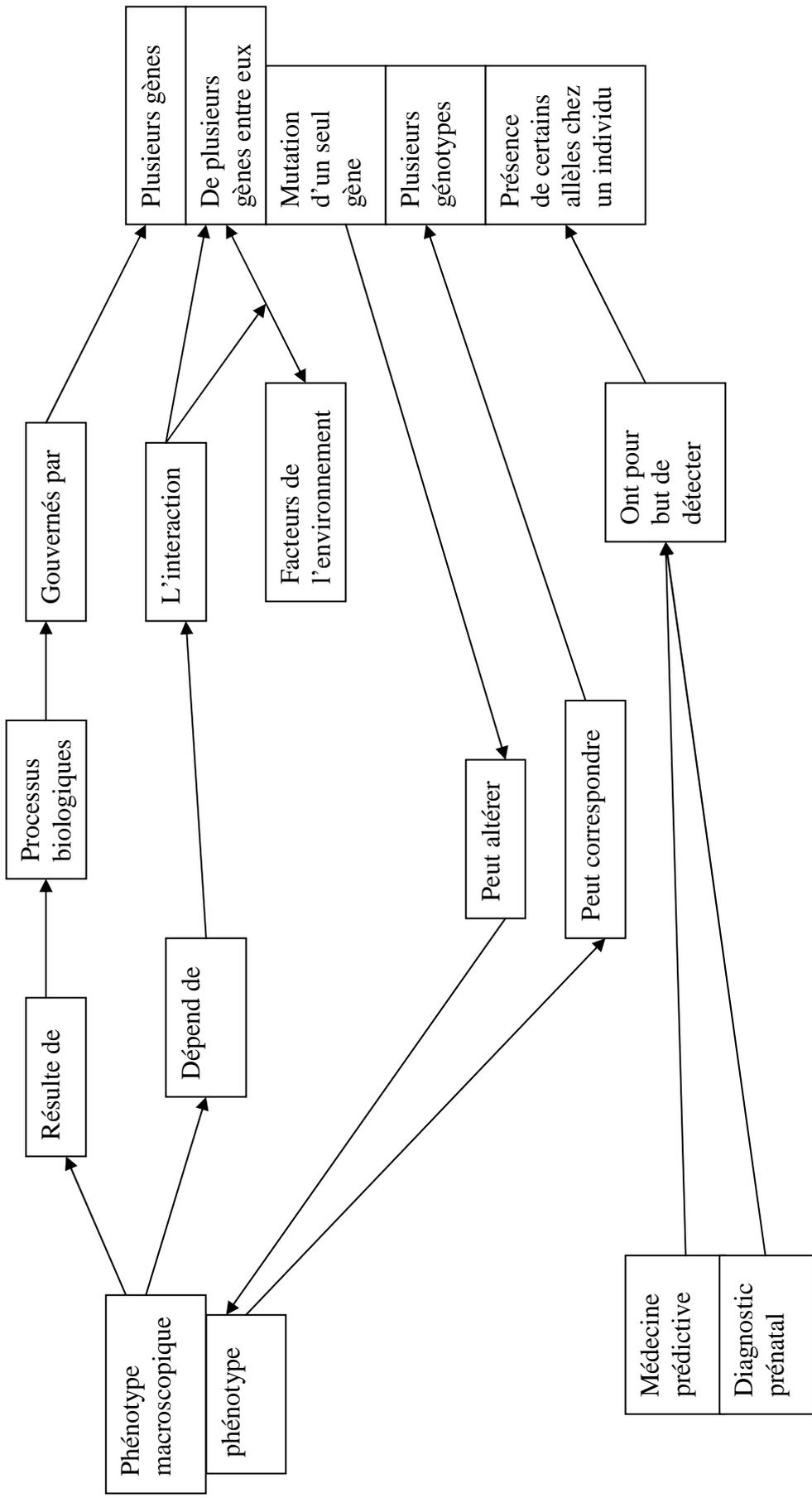
Les documents d'accompagnement introduisent la notion de gène « modulateurs » et explicitent l'idée que l'effet d'un gène sur le phénotype dépend du reste du génotype, une notion et une idée implicite dans la formulation « Un phénotype macroscopique donné résulte de processus biologiques gouvernés par l'expression de plusieurs gènes » ou dans la formulation « La réalisation d'un phénotype macroscopique dépend de l'interaction de plusieurs gènes entre eux ».

#### Introduction de notions : dominance et récessivité

Ils explicitent également l'idée qu'un même phénotype peut correspondre à plusieurs génotypes en introduisant les notions de récessivité et de dominance.

La formulation des documents d'accompagnement explicite la finalité de la détection des allèles pour ces pratiques médicale : l'identification de certains allèles permet de faire des prédictions.

**Figure 3 :** Proposition d'un réseau notionnel à partir des énoncés du programme de la sous-partie de la partie 2 (1<sup>ère</sup> S/génotype-phénotype)



**Document 23** : Prise en charge des unités d’analyses se référant à des pratiques de recherche s’inscrivant dans la nouvelle vision du thème « Représentation visuelle » de la classe de 1<sup>ère</sup> L

**Tableau 74.a** : éléments pour proposer un réseau notionnel des notions des unités d’analyses se référant à des pratiques de recherche s’inscrivant dans la nouvelle vision (1<sup>ère</sup> L/ représentation visuelle)

Références possibles	Enoncés du programme découpés en unités d’analyse	Enoncés des documents d’accompagnement	Références possibles
	<b>S-1L-TO-1.3.a</b> <u>L’organisation générale du cortex visuel</u> est la même pour tous (déterminisme génétique)	<b>DA-S-1L-TCO-1.3.a</b> <i>Ainsi la perception apparaît-elle d’une part comme caractéristique de l’espèce (conception génotypique de la vision), d’autre part comme individuelle et modelée par le vécu (conception phénotypique de la vision du monde lui appartient en propre.</i>	
	<b>S-1L-TO-1.3.b</b> <u>Les apprentissages et les expériences acquises</u> sont à l’origine d’une <u>organisation différente</u> des réseaux de <u>neurones corticaux</u> qui fait qu’aucun <u>cerveau ne voit le monde exactement comme un autre</u>	<b>DA-S-1L-TCO-1.3.b</b> <i>La perception de l’esthétique n’existe qu’au niveau de l’univers mental et elle est variable d’un individu à l’autre.</i>  <b>DA-S-1L-TCO-1.3.c</b> <i>La connaissance de l’intervention de neuromédiateurs dans la</i>	

		<p><i>communication entre neurones peut servir de base à la compréhension des <u>dérèglements de la perception engendrée par des produits exogènes</u></i></p> <p><b>Connaissances exigibles</b></p> <p><i>-la perception : une représentation du monde liée à <u>l'organisation corticale</u></i></p> <p><i>-la notion de <u>plasticité cérébrale</u></i></p> <p><i>-la représentation du monde à la fois propre à l'espèce et individuelle</i></p>	
--	--	--	--

**Tableau 74.b :** Visées, éléments sur les tâches du thème :

Insertion thématique :

Visées des différentes parties du programme

Enoncés relatifs aux visées de l'enseignement scientifique de 1ES dans les programmes	<b><u>Savoir, savoir faire, savoir être visés : proposition</u></b>	Type visée	Code visée
<p><b>V-1L-TCO-1</b></p> <p>La <u>représentation visuelle</u> que nous avons du monde extérieur est le fruit d'une <u>construction cérébrale</u> à partir de <u>signaux lumineux</u> que <u>capte notre œil</u>.</p> <p><b>Objectifs de la composante SVT</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- <b>Visé à donner quelques</b> éléments de connaissance sur la <u>formation et la propagation du message nerveux</u></li> <li>- Conduit à souligner l'importance du</li> </ul>	<p><b><u>Visée générale : (V-1L-TCO-1)</u></b></p> <p>La représentation visuelle que nous avons du monde extérieur est le fruit d'une construction cérébrale à partir de signaux lumineux que capte notre œil.</p> <p><b><u>Visées intermédiaires des SVT</u></b></p>		

<p>phénomène <u>d'intégration</u> qui participent à cette <u>construction cérébrale</u></p> <p>Souligne que <u>chaque cerveau est unique</u> : bien que <u>construit</u> sur les <u>mêmes bases morpho-anatomiques et fonctionnelles</u> pour une espèce donnée, le cerveau diffère dans le détail d'un individu à l'autre, notamment en raison <u>de la plasticité neuronale qui se manifeste au cours de l'apprentissage</u> et <u>modifie l'organisation</u> des réseaux de neurones responsables de son activité</p>	<p>éléments de connaissance sur la formation et la propagation du message nerveux</p> <p>souligner l'importance du phénomène d'intégration qui participe à cette construction cérébrale</p> <p>unicité de chaque cerveau :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>-construction sur les mêmes bases morpho-anatomiques et fonctionnelles pour une espèce</li> <li>-modification dans le détail de l'organisation des réseaux de neurones responsables de son activité en raison de la plasticité cérébrale qui se manifeste au cours de l'apprentissage</li> </ul>		
<p><b>V-CH-1L-TCO-1</b></p> <p><b>Peut constituer une base concrète intéressante pour une approche ultérieure de la différence individuelle de perception du monde en cours de philosophie en classe de TL</b></p>	<p><u>Base pour une</u> approche ultérieure de la différence individuelle de perception du monde en cours de philosophie (V-CH-1L-TCO-1)</p>		
<p><b><i>DA-S/V-1L-TO-1.2</i></b></p> <p><i>« Dans l'esprit du thème, en liaison avec l'enseignement de physique, il est</i></p>	<p><b><u>Perception des couleurs :</u></b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- n'est pas un processus rétinien</li> </ul>		

<p><i>intéressant de réfléchir au fait que <u>la notion subjective de la perception des couleurs n'est pas un processus rétinien.</u> La seule réalité physique est l'existence de radiations électromagnétiques, Cette réalité physique d'un point de vue physiologique est traduite par les photorécepteurs rétiniens en messages véhiculés par le nerf optique : mais la perception des couleurs résulte de l'activité corticale.</i></p> <p><i>L'analyse des mécanismes rétiniens, notamment à travers la recherche d'explications sur le daltonisme, est l'occasion de sensibiliser à l'idée que notre perception du monde dépend de la variété et des propriétés des récepteurs que nous possédons, qui sont déterminées génétiquement (on s'appuiera sur le programme de seconde)</i></p> <p><b>Connaissances exigibles</b></p> <p><i>-limite de la connaissance du monde : la diversité et les propriétés des récepteurs.</i></p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- résulte de l'activité cortical</li> <li>- dépend des propriétés des récepteurs que nous possédons et qui sont déterminés génétiquement</li> </ul> <p><b>(DA-S/V-1L-TO-1.2)</b></p>		
<p><b>DA-V-1L-TCO-1.3</b></p> <p><i>L'objectif fondamental du thème est de faire saisir la notion selon laquelle <u>la perception visuelle résulte d'une construction cérébrale et que celle-ci est intimement liée à l'organisation et à la structure du cortex.</u> C'est dans cette perspective qu'on aborde :</i></p> <p><i>-l'idée d'un <u>traitement en parallèle des informations par des aires cérébrales</u></i></p>	<p><b><u>Visée notionnelle</u></b></p> <p>la perception visuelle résulte d'une construction cérébrale et que celle-ci est intimement liée à l'organisation et à la structure du cortex. <b>(DA-V-1L-TCO-1.3)</b></p> <p>deux visées intermédiaires :</p> <p><u>-traitement en parallèle des</u></p>	ESCL	1

<u>spécialisées ;</u> <u>-l'évocation du rôle des gènes dans la construction du cerveau ainsi que le remodelage permettent des structures corticales sous l'influence de l'environnement</u>	<u>informations par des aires cérébrales spécialisées</u> <u>-l'évocation du rôle des gènes dans la construction du cerveau ainsi que le remodelage permettent des structures corticales sous l'influence de l'environnement</u>		
---	---	--	--

<b><i>DA-A-1L-TCO-1</i></b> <i>Une approche commune du thème par les enseignants de physique-chimie et de sciences de la vie et de la Terre est souhaitable. Celle-ci peut consister en une <u>sensibilisation au caractère subjectif des perceptions visuelles</u>, à partir de l'analyse d'illusions d'optique, de figures ambiguës, de l'expérience de Mariotte sur le point aveugle. Elle peut également porter sur la <u>diversité des perceptions, notamment dans le domaine de la couleur des objets. La recherche d'explications passe nécessairement par la mise en place des différentes étapes du processus visuel, ce qui fournit un cadre pour les études à faire en physique –chimie et SVT.</u></i>	<b><u>Activité DA-A-1L-TCO-1</u></b>  Démarche explicative Au problème : comment expliquer le caractère subjectif des perceptions visuelles Ou comment expliquer la diversité des perceptions dans le domaine de la couleur des objets ?  Objets : Illusions d'optiques Figures ambiguës Expérience de Mariotte	1          8 1	
---	--	---	--

**Tableau 74.c :** Proposition de tableau articulant les visées du niveau, les visées des types de thème (1<sup>ère</sup> L, représentation visuelle)

Ref	Visées/ finalités	Finalité 1 : ←	Finalité 2 : →	activités
Référence citoyenne	<b>visée :</b> Fournir des <u>clefs terminologiques</u> (donner un contenu <u>précis</u> à un certain nombre de notions complexes) (V-1L) (DA-V-1L)	<b>Pour se repérer dans les enjeux de société à venir</b> (V-1L) (DA-V-1L)	Donner envie d'aller plus loin par la lecture de revues de vulgarisation scientifique (V-1L)	Examiner des situations modèles (A-1L)  <b>Objets :</b> thèmes qui touchent à la responsabilité individuelle et collective face aux grands problèmes actuels de société DA-V-1ES-1
Formation personnelle	Thèmes communs (TCO) (SVT et physique chimie)			
Culture scientifique/ Référence scientifique	<b>Visée 1</b> Apporter les éléments de contenus et de méthodes			<b>Objets</b> Thèmes touchent aux bases du comportement de l'homme en rapport avec les paramètres physico-chimiques de son milieu : A-1L- TC0-1
Pluri disciplinarité	<b>Visée 2 :</b> Apporter les bases d'une réflexion philosophique (distinction monde réel/ monde perçu ainsi que des éléments sur « la place et la responsabilité de l'homme et de ses activités dans le monde »)  Thèmes au choix (TC)			
Référence scolaire	<b>Visée :</b> Construire un <u>savoir argumenté</u> et méthodologique V-1L-TC-1/2/3			<b>Objets : (A-1L-TC-1/2/3)</b> Thèmes sélectionnés parmi les nombreux sujets porteurs d'intérêt pour les élèves
	<b>1L-TO-1</b> La représentation visuelle du monde	<b>1L-TC0-2</b> Alimentation et environnement	<b>1L-TC-1</b> Procréation	<b>1L-TC-2</b> De l'information génétique auphénotype- applications
				<b>1L-TC-3</b> Place de l'homme dans l'évolution

**Document 24** : Visées des différents thèmes présentées dans l'introduction des sciences de la vie de la classe de 1<sup>ère</sup> S

**Tableau 75** : visées des différents thèmes présentées dans l'introduction des sciences de la vie de la classe de 1<sup>ère</sup> S

<b>Premier temps : progression 1</b>
1- étude de la notion de phénotype à différentes échelles : macroscopique, cellulaire et moléculaire : établissement des différents niveaux d'organisation
2- approfondissement du rôle fondamental des protéines dans la réalisation d'un phénotype à travers l'exemple des protéines enzymatiques
3- établissement du lien entre gène et protéine par l'étude de la synthèse des protéines en s'appuyant sur les acquis de 3 <sup>nde</sup>
4- compréhension du fait que la diversité phénotypique résulte d'interactions complexes entre la variabilité génétique et l'environnement
<b>Deuxième temps</b>
1- étude de la morphogénèse des végétaux offre l'occasion de relier différents processus cellulaires, permettant l'établissement du phénotype, à l'influence de certains facteurs de l'environnement. Apporte une illustration de l'intégration de ces processus et du rôle d'une hormone végétale : l'auxine.
<b>Troisième temps</b>
- qui prolonge l'étude de l'adaptation de l'organisme aux variations de l'environnement réalisée en classe de 2 <sup>nde</sup> : étude d'une fonction physiologique : la régulation de la glycémie
- permet de construire la notion d'homéostat
- permet de comprendre que la régulation de la glycémie est l'expression d'une information génétique multiple, modulée par des facteurs de l'environnement, en particulier l'alimentation.

- Est l'occasion de saisir les enjeux de la médecine prédictive et les problèmes éthiques soulevés par la connaissance des maladies génétiques

Quatrième partie :

- a pour objectif de dégager l'importance de l'expression du génotype et de la plasticité dans la formation du cerveau et dans l'individuation qui en dépend

- s'appuie sur la mobilisation des acquis des classes antérieures et approfondit les bases anatomiques et fonctionnelles de la communication nerveuse à travers l'étude du réflexe myotatique

la connaissance des phénomènes à l'échelle cellulaire et des mécanismes explicatifs des processus intégrateurs permet ensuite de traiter de la part du génotype dans le fonctionnement du système nerveux et de la neuroplasticité

**Tableau 76.a** : Visées du thème « Procréation » en relation avec la partie dans laquelle les unités d'analyse sont inscrites (TS- enseignement obligatoire)

<b>Visée générale (DA)</b>	- <i>montrer l'importance des mécanismes hormonaux à toutes les étapes de la reproduction, depuis la mise en place de l'appareil génital jusqu'à la grossesse</i>
<b>visées</b>	<ol style="list-style-type: none"> <li>1. envisager les mécanismes en jeu dans la réalisation du phénotype sexuel à partir du génotype</li> <li>2. aborder les notions de neurohormones sécrétées par l'hypothalamus, de rétroactions hormonales, de cycles menstruels, de puberté et de ménopause</li> <li>3. les hominidés se différencient des autres mammifères par une dissociation partielle entre sexualité et reproduction</li> <li>4. connaître les mécanismes régulateurs du cycle menstruel permet la maîtrise de la procréation qui par certains de ses développements pose des problèmes éthiques</li> </ol>
<i>Finalité générale</i>	<i>L'élève dispose ainsi des bases scientifiques nécessaires à la compréhension des problèmes individuels et de société en liaison avec la reproduction ..</i>
<i>Finalité de la visée 1 (DA)</i>	<i>illustrer et compléter les notions acquises en première S concernant le rôle des gènes dans la réalisation du phénotype</i>

**Tableau 76.b :** Visées du thème « Immunologie » (TS- enseignement obligatoire)

visées	<ol style="list-style-type: none"> <li>1. les défenses immunitaires sont capables de distinguer les cellules et molécules d'un individu des éléments étrangers ou qui le sont devenus. Elles sont capables d'éliminer ces éléments étrangers de l'organisme.</li> <li>2. rappel de l'importance des réactions immunitaires innées</li> <li>3. Abord à partir de l'exemple du SIDA, des réactions immunitaires acquises qui sont propres aux vertébrés, et qui impliquent reconnaissance acquise et mémoire. Cet exemple sert de support à des généralisations sur des aspects fondamentaux du fonctionnement du système immunitaire</li> <li>4. Permet de réfléchir sur le phénotype (adaptabilité et la variabilité du système immunitaire) et sur son évolution au cours du temps, résultat de l'interaction entre le génotype et l'environnement.</li> <li>5. Cette variabilité du système immunitaire assure l'intégrité et donc la stabilité des organismes</li> </ol>
--------	---

Terminale S- Enseignement de spécialité

**Tableau 77.a :** Enoncés se rapportant aux unités d'analyse de savoir se référant à des pratiques de transgénèse (TS- enseignement de spécialité)

Enoncés se référant à des pratiques relevant de la transgénèse (programme)	<i>Enoncés se référant à des pratiques relevant de la transgénèse (Documents d'accompagnement)</i>
<p><u>La transgénèse et la construction d'organismes génétiquement modifiés (OGM)</u> S-TS-II.T2.5.1.a La capacité d'introduire un gène (modifié ou étranger) conduit à la <u>production d'un organisme transgénique</u> acquérant des <u>propriétés nouvelles</u></p>	<p><i>DA-A/S- TS-II.T2.5.1</i> <i>« L'élève reconnaît dans un document <u>le principe, les étapes, les résultats et l'intérêt escompté de la pratique d'une transgénèse. De même, dans un texte ou une étude expérimentale, il repère et explique en utilisant ses connaissances, les problèmes soulevés par l'utilisation des OGM</u></i></p>

	<p><i>DA-V/S- TS-II.T2.5.1 lien avec l'énoncé précédent.</i></p> <p><i>L'élève doit saisir <u>le lien</u> entre la <u>transgénèse</u> qui s'effectue <u>au niveau cellulaire</u> et sa <u>traduction à l'échelle de l'organisme entier</u>.</i></p> <p><i>Les connaissances acquises sur la biologie florale lui permettent de comprendre la <u>transmission des modifications génétiques</u> dans les <u>générations successives</u> et <u>les risques associés à la dissémination du pollen</u>. »</i></p>
<p>TS-II.T2.5.2.b</p> <p><b>Un enjeu pour l'avenir : la thérapie génique somatique</b></p> <p>On peut pallier la déficience <u>d'un gène</u> par une <u>thérapie génique somatique</u></p>	<p><i>DA-V/S/A- TS-II.T2.5</i></p> <p><i>L'étude d'un exemple de <u>thérapie génique</u> chez l'homme permet d'expliquer la <u>différence entre transgénèse somatique (non transmissible à la descendance)</u> et <u>transgénèse germinale</u>, cette dernière étant refusée pour des raisons éthiques et renforcées par un interdit formulé dans la loi de bioéthique de 1994</i></p> <p><i>DA-S- TS-II.T2.5.2</i></p> <p><i>on souligne qu'actuellement <u>l'efficacité de la thérapie génique doit être prouvée</u>. »</i></p>

**Tableau 77.b** : cohérence thématique (TS- spécialité, thème II)

Examen des énoncés afin de proposer des mises en relation entre unités d'analyse de savoir, unités d'analyse correspondant à des tâches et les références proposées

<p>Enoncés se référant à des pratiques relevant de la transgénèse (programme)</p>	
<p><b>TS-II.T2.5</b> <b>Les enjeux actuels des biotechnologies</b></p>	<p><b>Aucune visée explicitée hors le titre</b> <b>Enjeux actuels des biotechnologies</b></p>
<p><u>La transgénèse et la construction d'organismes génétiquement modifiés (OGM) (TS-II.T2.5.1)</u> S-TS-II.T2.5.1.a La capacité d'introduire un gène (modifié ou étranger) conduit à la production d'un organisme transgénique acquérant des propriétés nouvelles</p> <p>TS-II.T2.5.1.a/A1 Etudes d'exemples d'OGM pour la résistance aux insectes et la production de molécules pharmacologiques</p> <p>TS-II.T2.5.1.a/A2 Dans un texte ou une étude expérimentale, repérer, les problèmes soulevés par les OGM et argumenter scientifiquement</p>	<p>Enoncé correspond à la description du principe du résultat et de l'effet escompté d'une transgénèse : construction d'un OGM (cohérent avec le titre)</p> <p>Référence à des pratiques de recherche soit scientifique soit de R&amp;D d'industrie</p> <p><u>Tâche</u> : scolaire</p> <p><u>Objet</u> : d'exemples d'OGM pour la résistance aux insectes et la production de molécules pharmacologiques (végétaux ?)</p> <p>Référence à des pratiques de R&amp;D ou industrielles</p> <p><u>Visée</u> implicite : énoncé S-TS-II.T2.5.1.a</p> <p><u>Tâche</u> : repérer les problèmes, argumenter scientifiquement</p> <p><u>Objet</u> : texte (origine ?) ou étude expérimentale</p> <p>Référence aux pratiques d'expertise scientifique ? Référence scientifique sur ces</p>

	<p>aspects ou pratiques citoyennes ?</p> <p><u>Visée de savoir</u>: les problèmes soulevés par les OGM (savoir ou visée notionnelle non explicitée dans la colonne notions et contenus)</p> <p>Référence plutôt pratique citoyenne</p>
<p>TS-II.T2.5.2</p> <p><u>Les biotechnologies et la génétique humaine</u></p> <p>TS-II.T2.5.2.b</p> <p><b>Un enjeu pour l'avenir : la thérapie génique somatique</b></p> <p>On peut pallier la déficience d'un gène par une thérapie génique somatique</p> <p>TS-II.T2.5.2.b/A</p> <p>Etude de documents sur la thérapie génique somatique</p>	<p>Enoncé précisant l'objectif de la thérapie génique somatique et son état d'avancement en termes de pratique</p> <p>Référence : recherche médicale clinique</p> <p>Tâche : scolaire</p> <p>Support : nature des documents ?</p> <p>Sur la thérapie génique somatique</p> <p>Visée : établir l'énoncé ?</p> <p>Référence ?</p>

**Document 25 :** Proposition d'articulation entre Tâche, visée/ savoir, références :  
apport des documents d'accompagnement : TS- spécialité thème II

Les documents d'accompagnement replacent cette partie dans une perspective historique en explicitant le lien entre la partie **TS-II-T2.4 « La révolution technologique du début des années 1970 »** et la partie sur les enjeux actuels des biotechnologies.

*DA-V/S- TS-II.T2.5*

*La révolution technologique des années 1970 a ouvert la voie :*

- *aux manipulations du génome et à la création des organismes génétiquement modifiés (OGM) ;*
- *au séquençage du génome et donc à la possibilité de caractériser génétiquement les individus.*

Les documents d'accompagnement explicitent une double visée pour cette partie :

- visée scientifique : approche des applications de la biologie moléculaire sous un angle scientifique ;
- visée citoyenne : approche des applications de la biologie moléculaire en prenant en compte les problèmes de société et les enjeux éthiques qui y sont associés.

*DA-V- TS-II.T2.5*

*Cette approche des applications de la biologie moléculaire ne doit pas être conçue uniquement sous l'angle scientifique mais doit permettre de prendre en compte les problèmes de société et les enjeux éthiques qui y sont associés.*

Les documents d'accompagnement explicitent un support pour aborder la transgénèse : exemple emprunté à la biologie végétale.

*DA-A- TS-II.T2.5*

*Les aspects en rapport avec la transgénèse sont abordés à partir d'un exemple emprunté à la biologie végétale.*

Les documents d'accompagnement explicitent la visée des deux activités :

*DA-A/S- TS-II.T2.5.1*

*« L'élève reconnaît dans un document le principe, les étapes, les résultats et*

*L'intérêt escompté de la pratique d'une transgénèse. De même, dans un texte ou une étude expérimentale, il repère et explique en utilisant ses connaissances, les problèmes soulevés par l'utilisation des OGM.*

*DA-V/S- TS-II.T2.5.1*

*L'élève doit saisir le lien entre la transgénèse qui s'effectue au niveau cellulaire et sa traduction à l'échelle de l'organisme entier. Les connaissances acquises sur la biologie florale lui permettent de comprendre la transmission des modifications génétiques dans les générations successives et les risques associés à la dissémination du pollen. »*

La première activité vise à reconnaître le principe, les étapes, les résultats et l'intérêt escompté de la pratique d'une transgénèse. Les enjeux industriels et techniques ne sont donc pas visés. Seul les modalités techniques (principes) et l'enjeu en termes d'intérêt par rapport au résultat sont évoqués. (Restriction des possibles)

Parmi les problèmes soulevés par les OGM, les documents d'accompagnement citent les risques associés à la dissémination des pollens.

Ils explicitent également ce qui est entendu par argumenter scientifiquement : il s'agit ici d'expliquer scientifiquement en quoi il existe un risque associé à la dissémination des pollens. S'il s'agit bien d'un problème pris en compte dans les pratiques citoyennes son traitement reste très scientifique (explication) et peu citoyen (prise de position)

**Tableau 78** : caractérisation de deux types de citoyenneté d'après Tutiaux-Guillon (2006)

<p>Citoyenneté exclusive</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- citoyenneté française pensée comme un dépassement des particularismes et des appartenances à des groupes réels : le citoyen est abstrait, la citoyenneté est donc une et unitaire</li> <li>- la citoyenneté n'englobe pas la vie sociale : les valeurs et identités autres que celles qui définissent l'intérêt général (laïcité)</li> <li>- pour se dépouiller de ses identités vécues et vives, le citoyen doit être éclairé, instruit et conduit à faire usage de la Raison</li> </ul> <p>La culture scolaire est une culture libératrice au fondement politique : la culture française est posée comme ce qui libère de l'enfermement dans des identités singulières, limitées. L'école qui transmet cette culture est ainsi libératrice</p>
<p>Une citoyenneté adhésion</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- modèle britannique de citoyenneté qui pose les identités et les appartenances comme l'expression des libertés et le fondement légitime des débats publics</li> <li>- en Europe se développe une conception de la citoyenneté fondée sur les compétences plus que sur les identités : la démocratie y est pensée comme un mode pacifique de résolution des conflits qui naissent de la pluralité, un système politique qui fait du désaccord son mode de fonctionnement =&gt;la capacité à assumer son point de vue, à l'argumenter, à participer au débat public devient le cœur des compétences citoyennes</li> <li>- éloignement de la citoyenneté adhésion/ obéissance</li> </ul>
<p>Changer de citoyenneté reviendrait à passer d'un enseignement fondé sur la vérité et l'autorité à un enseignement fondé davantage sur le débat et la négociation de sens.</p>	