



Pat Rawlings

4. AU SIÈCLE PROCHAIN, LES OBSERVATOIRES LUNAIRES seront les outils de la cosmologie. La face cachée de la Lune est un lieu idéal pour les télescopes en raison de l'absence d'atmosphère, donc de

turbulences atmosphériques, et parce qu'elle est à l'abri des rayonnements terrestres. Les minéraux lunaires pourraient être utilisés pour la fabrication d'instruments *in situ*.

c'est peut-être que notre vision est limitée. Tout comme la Terre parcourt l'une des quelques orbites elliptiques autour du Soleil qui lui permette d'être habitable, notre Univers pourrait n'être qu'un exemple habitable d'un ensemble plus vaste.

Les voies du nouveau millénaire

Des cosmologistes étudient également la topologie de l'Univers. L'Univers pourrait être beaucoup plus petit que ce que nous voyons, un peu comme si nous étions situés à l'intérieur d'un cube dont les parois sont des miroirs. La plupart des objets du ciel seraient alors des images fantômes, reflétées plusieurs fois. Des tests statistiques sur la répartition des galaxies et des structures particulières dans le fond diffus cosmologique testeront cette hypothèse.

À l'approche du xxi^e siècle, les scientifiques repoussent les frontières de la connaissance dans trois grands

domaines : le très grand, le très petit et le très complexe. La cosmologie participe de tous ces domaines. Dans les prochaines années, les cosmologistes établiront probablement la densité de l'Univers et découvriront la nature de la matière sombre. Ces découvertes seront-elles compatibles avec les théories actuelles? Déterminerons-nous la proportion relative des atomes ordinaires et de la matière sombre dans l'Univers, et aussi la valeur de la constante cosmologique et les fluctuations de densité primordiales? Dans cette hypothèse, nous prendrons la pleine mesure de notre Univers, de la même manière que, ces derniers siècles, nous avons appris la taille et la forme de la Terre et du Soleil. Inversement, notre Univers pourrait se révéler plus complexe que nous ne le pensons aujourd'hui. Préférez-vous habiter un univers classique ou un univers plus complexe... et plus passionnant?

La cosmologie n'est pas seulement une science fondamentale, c'est aussi

la plus grande des sciences de l'environnement. Comment une boule de feu uniforme évolue-t-elle, en 15 milliards d'années, en un cosmos rempli de galaxies, d'étoiles et de planètes? Comment les atomes s'assemblent-ils – ici sur Terre et peut-être dans d'autres mondes – pour former des êtres vivants assez élaborés pour réfléchir à leurs origines? La réponse à ces questions est une quête peut-être vaine, mais passionnante.

Martin REES, professeur à l'Université de Cambridge, est astronome royal.

Marc LACHÈZE-REY, *Connaissance du cosmos*, Éditions Albin Michel, 1987.

Hubert REEVES, *Dernières nouvelles du cosmos*, Éditions du Seuil, 1995.

Craig J. HOGAN, *The Little Book of the Big Bang: A Cosmic Primer*, Copernicus, 1998.

Martin REES, *Before the Beginning*, Perseus Books, 1998.

Martin REES, *Just Six Numbers*, Basic Books, 1999.

Le code de la vie déchiffré

FRANCIS COLLINS • KARIN JEGALIAN

L'étude de tous les gènes de divers organismes renseignera sur l'origine de la vie.

Lorsque les historiens analyseront la fin du XX^e siècle, ils constateront qu'une des principales avancées scientifiques de l'époque aura été la détermination des informations génétiques responsables de la vie humaine. Le Projet Génome humain, qui vise l'identification de tous les gènes et l'analyse, lettre par lettre, du message de la vie, aura des répercussions dans toutes les branches de la biologie. Le séquençage complet de l'ADN de divers organismes, dont celui de l'homme, apportera des réponses à des questions fondamentales : comment les organismes ont-ils évolué ? Pourra-t-on, un jour, fabriquer un organisme vivant ? Comment traiter les maladies ?

Le Projet Génome humain a déjà apporté une moisson de résultats sans précédent en biologie. L'ensemble des constituants de l'ADN humain, les bases, tiendrait à peine dans 200 annuaires téléphoniques, sans compter les annotations qui décriraient à quoi servent ces séquences d'ADN. Au printemps 2000, on devrait avoir décodé 90 pour cent de l'ADN humain, et la séquence complète est prévue pour 2003. Toutefois, on n'aura là qu'une base, car il restera à trouver les innombrables annotations qui donnent son sens à l'information génétique. Le travail fondamental ne portera ses fruits que quand on comprendra le rôle des protéines codées par tous ces gènes.

De nombreuses protéines sont des constituants essentiels de l'organisme humain ; d'autres sont des enzymes, qui commandent les réactions biochimiques de la vie. Ce sont des chaînes dont les maillons sont les acides aminés ; chaque chaîne se replie, adoptant une structure qui détermine sa

fonction. La succession des bases, dans l'ADN d'un gène, code l'ordre des acides aminés de la protéine formée à partir de ce gène. La fabrication des protéines nécessite des molécules intermédiaires, les ARN, et l'on dit que les gènes qui produisent des ARN «s'expriment».

Le Projet Génome humain a plusieurs objectifs : il veut découvrir toutes les protéines produites dans un être humain et comprendre les mécanismes de régulation de l'expression des gènes, la variation de ces gènes selon les espèces et au sein d'une même espèce, et les relations entre le génome (le génotype) et les caractères observables (le phénotype). Toutes les informations accumulées à partir des séquences d'ADN seront le ferment des découvertes du siècle à venir : plus nous en apprendrons sur cet ADN, plus nous pourrons faire d'hypothèses, et mieux nous comprendrons la vie.

Vers 2050, la génomique répondra probablement à diverses questions essentielles : peut-on prévoir la structure tridimensionnelle des protéines à partir de leurs séquences en acides aminés ? Pourra-t-on créer des formes de vie artificielle ? Quel est le rôle précis des gènes du développement ? La connaissance du génome entier améliorera-t-elle la prévention des maladies, leur diagnostic et leur traitement ?

Reprenons successivement ces questions.

Les six milliards de bases du génome humain codent quelque 100 000 protéines. Bien que la séquence des acides aminés d'une protéine soit traduite en une seule étape, à partir de la séquence d'un gène, on ne sait pas encore prévoir la forme des protéines, et l'étude expérimentale de leur structure reste laborieuse. Pourtant, les struc-

tures des protéines ont été bien mieux «conservées» (elles sont restées quasi constantes au cours de l'évolution) que les séquences d'acides aminés elles-mêmes. Comme des séquences d'acides aminés différentes forment des molécules de structures similaires, on espère trouver la structure de nombreuses protéines en étudiant en détail quelques protéines représentatives.

La structure des protéines

Récemment, plusieurs spécialistes de la structure des protéines ont lancé une «Initiative d'étude de la structure des protéines», afin de hâter la résolution de ce problème. Ils analysent la conformation des protéines, soit en faisant cristalliser des protéines purifiées et en étudiant la diffraction de ces cristaux par des rayons X, soit en les analysant par résonance magnétique nucléaire. Ces analyses sont longues et coûteuses. Le groupe veut optimiser l'étude des nouvelles structures en se fondant sur les connaissances déjà acquises sur des structures proches, et il prévoit de regrouper les protéines en familles qui auraient les mêmes caractéristiques architecturales. Puis, on choisira d'analyser des protéines représentatives de chaque famille par les méthodes physiques les plus élaborées.

Quand le catalogue des structures connues s'étendra, on pourra grouper les diverses protéines par structures

1. LE GÉNOME HUMAIN contient toutes les instructions biochimiques nécessaires à l'élaboration et au fonctionnement d'un être humain. Ces instructions sont codées par des groupes chimiques, nommés bases, qui sont de quatre types : l'adénine (A), la guanine (G), la cytosine (C) et la thymine (T).



Everett Williams, Jr.



communes, afin de modéliser la structure des protéines qui seront ensuite découvertes ou inventées. Les biologistes estiment à 1 000 environ le nombre de motifs élémentaires de repliement des protéines ; la résolution de 3 000 à 5 000 structures (en plus de celles que l'on connaît déjà) suffirait probablement pour que l'on déduise ensuite la structure de toute nouvelle protéine. Comme 1 000 structures protéiques sont élucidées chaque année, à une cadence qui s'accélérera sans doute, l'inventaire des conformations de protéines devrait être terminé peu de temps après la fin du séquençage du génome humain.

La vie artificielle

On peut espérer classer les protéines d'après leur structure en raison des mécanismes biologiques de l'évolution et, même, de l'apparition de la vie sur la Terre. On cherchera s'il existe une classe de protéines communes à tous les organismes et quelles sont les réactions biochimiques indispensables à la vie.

Plusieurs génomes ont déjà été entièrement séquencés (pour la plupart des génomes de bactéries), et les biologistes, qui s'intéressent à l'origine de la vie, ont commencé à inventorier les gènes conservés parmi les bactéries.

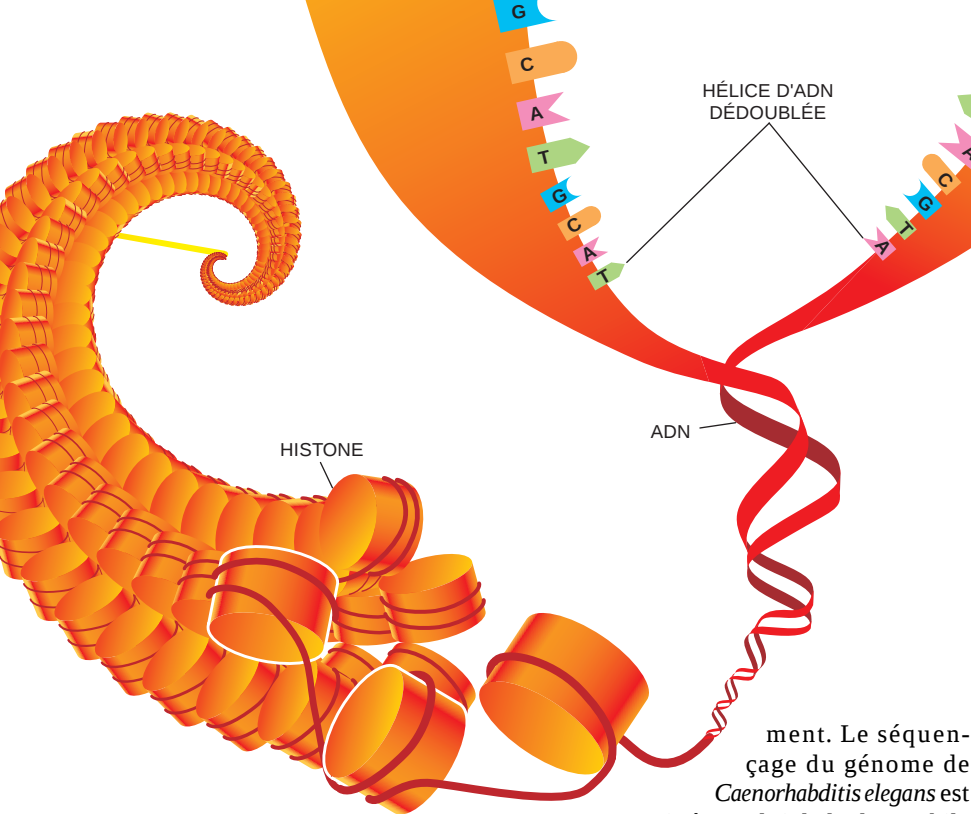
Dans quelques années, on disposera vraisemblablement d'un répertoire du produit de tous les gènes (sous la forme d'ARN ou de protéines) indispensables à la vie ; on pourra alors fabri-

quer des organismes à partir de séquences de bases d'ADN dont on imaginera l'enchaînement et qui coderont des protéines nouvelles, également inventées. Si ce génome artificiel s'introduit dans une cellule qui se reproduit correctement, l'expérience prouvera que la biologie a bien déchiffré les mécanismes élémentaires de la vie. L'entreprise soulève évidemment des questions de sécurité et d'éthique.

Parviendrons-nous à construire un modèle électronique d'une cellule vivante, une «cellule informatisée»? Cellule qui tiendra compte de tous les constituants de la cellule? De toutes les interactions biochimiques? Et qui calculera précisément les conséquences d'un stimulus qui lui serait appliqué?

Au cours des 50 dernières années, les biologistes focalisaient leurs recherches sur un seul gène ou sur une protéine unique. Au cours des 50 années à venir, ils étudieront plutôt les fonctions des gènes, leurs interactions et le rôle de l'environnement sur leur expression.

Bien sûr, les biologistes cherchent depuis longtemps à décrire les interactions des divers constituants cellulaires. Comment les facteurs de transcription, des molécules qui se fixent sur des segments précis de l'ADN, contrôlent-ils l'expression des gènes? Comment l'insuline, qui se fixe sur des récepteurs, à la surface des cellules musculaires, déclenche-t-elle dans ces cellules une série de réactions qui augmentent le nombre de transporteurs de glucose dans la membrane cellulaire? Lorsque le séquençage du génome sera achevé, on pourra se poser ce type de questions pour des milliers de gènes et de constituants cellulaires. Quand tous les gènes auront été identifiés, quand toutes les interactions et



2. LES CHROMOSOMES, au nombre de 23 paires dans le génome humain, sont localisés dans le noyau de toutes les cellules de l'organisme. Chaque chromosome est constitué d'une double hélice d'ADN qui est enroulée autour de protéines en forme de bobines, les histones. Les complexes ADN-histone sont tortillés dans les chromosomes. Grâce au Projet Génome humain, on espère découvrir toutes les protéines codées par l'ADN. Lorsqu'un gène est activé, la cellule copie l'ADN du gène sous la forme d'une molécule à brin simple, l'ARN messager, qui quitte le noyau et s'associe à un ensemble de structures protéiques de grande taille, les ribosomes. Ces ribosomes traduisent alors l'ARN messager en une chaîne d'acides aminés qui constitue la protéine. La protéine ainsi fabriquée – ici un récepteur de la membrane cellulaire – se replie en plusieurs étapes, que les biologistes commencent tout juste à élucider.

les réactions cellulaires auront été précisées, les pharmacologues qui recherchent des médicaments et les toxicologues qui déterminent la toxicité des nouvelles molécules utiliseront sans doute des programmes, ou «modélisations cellulaires», pour savoir si une molécule a des propriétés thérapeutiques ou si elle est toxique.

Lorsque l'on saura modéliser une cellule isolée, on cherchera certainement à augmenter la complexité des modèles pour se rapprocher des formes de vie qui nous sont familières. Les biologistes chercheront comment les gènes et leurs produits se comportent selon le lieu et selon l'instant, c'est-à-dire selon leur localisation dans l'organisme et selon l'âge de cet organisme. Aujourd'hui déjà, les embryologistes commencent à connaître la séquence d'expression des gènes, au cours du développement ; ils espèrent trouver des protéines qui seraient spécifiques de chaque stade. En mesurant la concentration de centaines de protéines à des instants précis, ils ont identifié le moment où les gènes codant ces protéines s'expriment et ils ont observé que l'intensité de cette expression varie. Par de telles méthodes, on espère identifier tous les gènes du développement, et préciser leur séquence d'expression et leurs interactions.

Quelques organismes, tels la drosophile (la mouche du vinaigre), le ver *Caenorhabditis elegans* et la souris, resteront des éléments indispensables au progrès de la biologie du développe-

ment. Le séquençage du génome de *Caenorhabditis elegans* est terminé, et celui de la drosophile l'est presque ; celui du génome humain est prévu pour 2003, et celui de la souris sera vraisemblablement achevé dans quatre ou cinq ans. La comparaison de génomes d'espèces différentes sera plus facile et plus précise ; elle apportera aux biologistes de précieuses informations sur l'élaboration des organismes vivants. Enfin, comme le coût du séquençage diminue progressivement, on décryptera un nombre croissant de génomes, représentatifs des différentes branches de l'arbre de l'évolution.

Jusqu'à présent, les embryologistes ont cherché les signaux universels qui président à l'organisation générale des animaux, c'est-à-dire à la disposition de leurs membres et de leurs organes. Quand ce travail aura progressé, on cherchera les variations (dans la séquence des gènes et, peut-être, dans leur régulation) responsables de l'étonnante diversité des formes vivantes. En comparant les espèces, nous apprendrons comment les circuits génétiques se sont modifiés de façon que des ensembles de gènes presque équivalents fabriquent soit de petites pattes couvertes de fourrure, chez la souris, soit des mains avec des doigts opposables, chez l'homme.

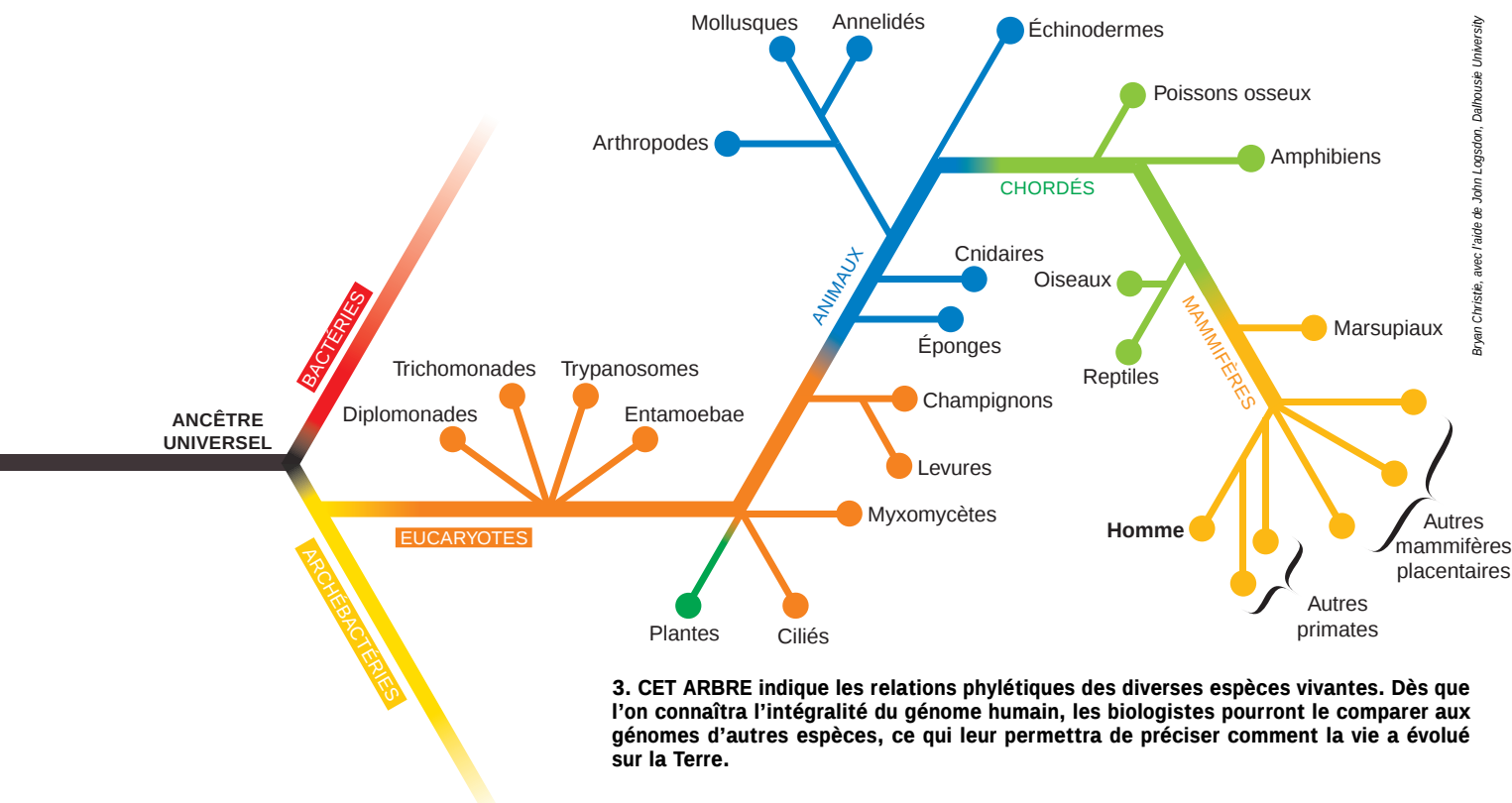
Grâce à la biologie moléculaire, la médecine devrait passer d'un statut de science empirique à celui de science déductive, fondée sur la compréhension exhaustive des mécanismes de la vie. La médecine évolue déjà, mais les connaissances tirées du séquençage du génome accéléreront la transition. D'ici à 50 ans, la médecine fondée sur la génomique

devrait avoir fait des progrès considérables. Elle comprendra l'origine moléculaire des maladies, elle saura souvent les prévenir, et elle concevra des traitements bien ciblés et individualisés.

Les applications de la recherche fondamentale

D'ici à dix ans, les tests génétiques révéleront la prédisposition à quelques maladies. Grâce au Projet Génome humain, on saura identifier les variations génétiques les plus fréquentes, et, une fois cette liste établie, des études épidémiologiques révéleront la prédisposition individuelle aux diverses maladies. De telles études préciseront également le rôle de gènes qui, par eux-mêmes, risquent peu de déclencher une maladie, mais qui deviennent nuisibles quand ils interagissent avec d'autres gènes ou quand ils subissent l'influence de facteurs environnementaux tels que l'alimentation ou certains micro-organismes pathogènes. Vers 2010-2020, la thérapie génique sera peut-être devenue un traitement classique, au moins pour quelques maladies.

D'ici à 20 ans, quand on aura décrypté les mécanismes moléculaires responsables de maladies telles que le diabète ou l'hypertension artérielle, on disposera de nouveaux médicaments. Ces médicaments, précisément ciblés, seront efficaces et dépourvus d'effets secondaires notables. Certains, notamment contre le cancer, seront adaptés aux réactions probables de chaque malade. Les diagnostics seront certainement plus spécifiques et plus précis qu'aujourd'hui. Au lieu d'indiquer seulement une concentration sanguine en



Bryan Christie, avec l'aide de John Logsdon, Dalhousie University

cholestérol excessive, ils préciseront les gènes responsables, les conséquences de cette hypercholestérolémie à redouter, les médicaments et le régime qui conviendront le mieux.

En 2050, on saura soigner les maladies avant même leur apparition (toutefois, tous n'auront pas accès à ces progrès, et les inégalités resteront sources de tensions). Lorsque quelqu'un tombera malade, la thérapie génique et les médicaments seront choisis en fonction de son patrimoine génétique, de sorte que les traitements seront adaptés au cas par cas. La durée moyenne de la vie dépassera 90 ans, et l'étude des gènes du vieillissement aboutira certainement à une nouvelle augmentation de l'espérance de vie.

Malgré l'apparente diversité de l'espèce humaine, celle-ci est plus homogène que beaucoup d'autres. Chez les êtres humains, on trouve presque les mêmes variations génétiques dans tous les groupes de population, et seule une petite fraction (entre 10 et 15 pour cent) de cette variation correspond à des différences entre groupes. Cette constatation a conduit certains biologistes des populations à affirmer qu'il n'y a pas si longtemps, l'espèce humaine était réduite à une dizaine de milliers d'individus, et que leur dispersion sur les différents continents est récente. La plupart des variations génétiques seraient antérieures à cette dispersion.

La reconstitution des grandes étapes de la vie

Au cours des 20 dernières années, grâce aux techniques d'analyse de l'ADN, les généticiens des populations ont répondu à plusieurs questions anthropologiques. Des événements démographiques, tels que les migrations, les disparitions de certains groupes ou l'expansion d'autres populations, modifient la fréquence des gènes, de sorte qu'ils sont précisément gravés dans le patrimoine génétique de l'humanité. Ainsi, la génétique a déterminé que l'homme moderne était apparu en Afrique il y a 100 000 à 200 000 ans, avant de se répartir sur tous les continents. Les anthropologues ont également utilisé l'ADN pour étudier, par exemple, l'origine de groupes tels que les Tziganes et les Juifs, les migrations de diverses populations vers les îles du Pacifique Sud et vers les Amériques, ou encore la dispersion des populations en Europe. Comme les informations génétiques sont de plus en plus faciles à obtenir, on clarifiera plus aisément les relations entre populations, les périodes de brassage, de séparation et de migration. Nous sommes persuadés que l'on confirmera que les caractères raciaux et ethniques sont socioculturels ; on montrera qu'il n'existe aucune frontière scientifiquement démontrée entre les groupes humains.

Vers 2050, nous connaissons bien mieux les populations humaines, mais une question reste ouverte : quelles sont les limites de ce savoir ? Les mélanges ont été si fréquents que l'on ne pourra vraisemblablement pas établir un arbre généalogique unique qui représenterait l'histoire de l'humanité. On devra décrire cette histoire par un buisson dont les ramifications se croiseront et s'entremêleront après des périodes de séparation. Dans 50 ans, nous saurons au moins certains d'un point : nous aurons évalué les limites de l'histoire de l'humanité que nous aurons réécrite.

Depuis les années 1960, les séquences d'ADN sont des outils essentiels pour les classifications du vivant. Grâce à ces analyses, on a tracé les grandes lignes des événements qui ont marqué quelque 3,5 milliards d'années d'évolution, et l'on a classé les organismes vivants en trois grands groupes : les archéobactéries (des organismes unicellulaires très anciens) ; les bactéries ; les eucaryotes (les organismes dont les cellules ont un noyau). On a également établi des subdivisions et des embranchements, qui séparent les innombrables espèces vivantes. En revanche, on n'est pas parvenu à placer chaque type d'organismes vivants sur une branche particulière d'un même arbre de vie. Selon les gènes que l'on étudie, on trouve souvent des arbres généalogiques différents, car l'ADN n'est pas toujours

La génomique au Genopole

La France participe à l'effort mondial de séquençage du génome humain de diverses façons et notamment par la création du Genopole, à Évry, dont l'ambition est de regrouper des centres nationaux, des laboratoires de recherche fondamentale et un ensemble d'entreprises de biotechnologies, indispensables au transfert des découvertes des laboratoires de recherche publics ou privés vers l'industrie.

Demain, ces activités auront des retombées dans la plupart des domaines de recherche en biologie, en médecine (pour le diagnostic et les traitements) et dans de nombreux secteurs industriels, notamment la pharmacie, l'agroalimentaire, les industries de l'environnement, ou encore la chimie lourde et, peut-être, l'informatique.

Aujourd'hui, sont réunis à Évry un laboratoire national de séquençage, le Genoscope, qui participe aux programmes internationaux de séquençage, qui a ses propres projets et qui répond aux besoins en séquençage de la communauté scientifique nationale publique et privée ; le Centre national de génotypage qui a pour mission de rechercher des gènes de susceptibilité à diverses maladies et d'étudier les relations entre le patrimoine génétique de l'homme et ses manifestations individuelles.

À côté de ces deux centres, qui fonctionnent grâce aux fonds publics, se trouvent le laboratoire Généthron de l'Association française contre les myopathies, qui se consacre presque exclu-

sivement à la thérapie génique, un ensemble de laboratoires du CEA, du CNRS, de l'INSERM, de l'INRA, de l'Université Paris VII et des laboratoires de recherche privés. Citons enfin l'installation prochaine de plusieurs structures de bio-informatique, dont le centre national Infobiogen. La plupart de ces laboratoires sont étroitement associés à l'Université d'Évry-Val d'Essonne qui met progressivement en place des enseignements de premier, deuxième et troisième cycles dans ces domaines.

Genopole dispose de moyens de l'État, des collectivités territoriales (Conseil général et Conseil régional), du SAN (le syndicat d'agglomération nouvelle) et de l'Association française contre les myopathies. Une équipe est en charge de la politique de recherche, une autre de la politique de développement industriel (implantation et création d'entreprises de haute technologie en biologie), une troisième de la communication.

La biotechnopôle d'Évry regroupe déjà 15 laboratoires de recherche et 25 entreprises ou projets d'entreprises, dont 15 sont en cours de création. À la fin de l'année 2001, le campus d'Évry devrait regrouper entre 20 et 30 laboratoires de recherche et 50 à 60 entreprises de biotechnologies. Ainsi, Genopole se caractérise par la volonté d'associer des compétences scientifiques et industrielles dans le respect des droits et des devoirs de chacun.

Pierre TAMBOURIN,
Directeur de Genopole®

transmis, directement des parents à leur descendance, avec un taux de mutations assez stable pour jouer le rôle de repère temporel. Parfois des transferts de gènes entre espèces aboutissent à d'importants bonds évolutifs, comme dans le cas des organites qui produisent l'énergie dans les cellules animales (les mitochondries) et dans les cellules végétales (les chloroplastes) : ces constituants cellulaires contiennent leur propre matériel génétique et proviennent de bactéries qui ont été «avalées» par des cellules eucaryotes.

Ce type de «transfert génique horizontal» semble avoir été assez fréquent dans l'histoire de la vie, de sorte que la comparaison des gènes entre les espèces n'aboutira pas à un arbre phylogénétique unique et universel. Comme

l'histoire de l'espèce humaine, l'histoire de la vie serait plutôt comparable à un treillis, où des ramifications s'éloignent, se rapprochent et fusionnent avant de se séparer à nouveau.

Dans 50 ans, le livre de l'histoire de la vie sera plus complet, même si l'énigme de l'apparition du premier organisme capable de se reproduire n'a pas encore été résolue. Nous saurons, par exemple, quand et comment différentes lignées se sont formées, ont adopté ou adapté des gènes, se dotant de nouvelles voies métaboliques ou de nouvelles organisations corporelles. L'observation de la vie à l'échelle du gène sera si familière aux biologistes qu'ils ne parleront plus d'organismes ou d'espèces, mais de gènes. Ils auront identifié les gènes qui ont été trans-

mis ensemble, sur quelles périodes, et dans quels génomes. On aura alors peut-être la réponse à la question posée par Charles Darwin, restée aujourd'hui, sans réponse : qu'est-ce qui distingue l'homme des autres espèces ?

D'autres questions apparaîtront certainement. Comme dans tout domaine scientifique fécond, de nouvelles hypothèses, fondées sur les données recueillies, seront postulées. Paradoxalement, malgré son importance croissante, la génomique, en tant qu'entité bien définie, sera peut-être un peu occultée, car elle aura diffusé dans tous les domaines de la biologie ; elle sera peut-être absorbée par la médecine.

Comment la société réagira-t-elle à cette explosion des connaissances génétiques ? Cette question n'a pas aujourd'hui de réponse simple. Avec les progrès de la génétique et de la technique, on devrait soigner mieux diverses maladies et soulager nombre de souffrances. Toutefois, le progrès s'accompagne de risques : ainsi, certains fanatiques utilisent, aujourd'hui, des arguments génétiques pour tenter de justifier l'existence de groupes raciaux et ethniques. On peut craindre que certains employeurs ou assureurs n'utilisent les informations génétiques pour refuser un emploi ou une assurance. Saurons-nous maîtriser le pouvoir que peut conférer la mise à disposition de l'information génétique ? La question reste ouverte.

Nous espérons que la génétique sera utile dans de nombreux domaines, mais nous craignons que les tensions ne s'accroissent entre les partisans du progrès scientifique et les adeptes d'un retour à une vie plus «naturelle». Les sociétés devront veiller à ce que la génomique soit bien acceptée par la collectivité et à ce que les progrès liés à cette discipline ne soient pas utilisés à des fins pernicieuses.

Francis COLLINS dirige l'Institut de recherche américain sur le génome humain (NHGRI), où Karin JEGALIAN est journaliste scientifique.

Thomas D. GELEHRTER, Francis S. COLLINS et David GINSBURG, *Principles of Medical Genetics*, deuxième édition, Williams and Wilkins, 1998.

Francis S. COLLINS, *Shattuck Lecture – Medical and Societal Consequences of the Human Genome Project*, in *New England Journal of Medicine*, vol. 341, n° 1, pp. 28-37, 1^{er} juillet 1999.
