

SSH

Grille de correction du texte « Vers la fin de l'ADN poubelle » (100 mots maxi) :

| | Barème | Notions à retrouver |
|-----------|------------------|--|
| <u>1</u> | 1 | Notion de connaissance du fonctionnement du génome |
| <u>2</u> | 0,25 | 8 ans de décryptage |
| <u>3</u> | 1 (+ 0,5) | Encyclopédie de notre ADN (+ pages qui gouvernent l'activité de nos gènes) |
| <u>4</u> | 0,5 | Notion de libre disposition pour les laboratoires du monde entier. |
| <u>5</u> | 2 | Notion de ENCODE |
| <u>6</u> | 1 | Outil pour mieux comprendre le développement des maladies |
| <u>7</u> | 1 | Notion de consortium |
| <u>8</u> | 0,5 | Lancé en 2004 ou Après séquençage complet du génome en 2003 |
| <u>9</u> | 0,75 | Etape suivante = annoter le génome |
| <u>10</u> | 0,25 | Les gènes = 2% du génome |
| <u>11</u> | 0,75 | Les 98% ne sont pas dénués de fonctions/rôle important |
| <u>12</u> | 0,75 | Notion de cartographie des fonctions du génome au delà des gènes |
| <u>13</u> | 0,5 | Notion d'épigénome ou régulome |
| <u>14</u> | 0,5 | Technologies à haut débit d'analyse du génome |
| <u>15</u> | 0,25 | Infinie complexité des analyses du génome |
| <u>16</u> | 0,5 | En 2007, étude étendue à tout le génome |
| <u>17</u> | 0,5 | 80% du génome humain sont dotés d'une fonction biochimique |
| <u>18</u> | 1,5 | Enterre l'idée d'ADN poubelle |
| <u>19</u> | 1 | Liens entre fonctions du génome et prédispositions connues à des maladies |
| <u>20</u> | 0,25 | 71% des variants génétiques associés à 400 maladies communes dans des zones non codantes |
| <u>21</u> | 0,5 | Notion de changements dans l'ADN +/- dérégulation précoce d'un gène |
| <u>22</u> | 1 (+0,25) | Notion de grille de lecture du génome humain (+ pas innovant) |
| <u>23</u> | 0,25 | En 1990, La France établit la 1 ^{ère} carte au monde du génome humain |
| <u>24</u> | 0,75 | La France peut jouer un rôle appréciable dans l'utilisation intelligente de ces données |
| | 1 | Suivi correct de l'ordre du texte et du nombre de mots |
| | 1 | Orthographe, grammaire, syntaxe |

Note sur 20 que vous multipliez par 5 pour obtenir la note type concours sur 100.

Résumé des tuteurs (101 mots) :

Après 8 ans de décryptage, le projet ENCODE offre aux laboratoires du monde une encyclopédie de notre ADN, outil utilisable dans la compréhension des maladies. Lancé après le séquençage complet du génome en 2003, ce consortium vise à « annoter » le génome. Les 98% de gènes non codants jouent un rôle important dans l'épigénétique étudiée par ENCODE à l'aide de technologies à haut débit capable de gérer la grande complexité de ces analyses. Aujourd'hui étendue au génome entier, on découvre que 80% possèdent une fonction biochimique, ce qui enterre l'idée « d'ADN poubelle ». Les liens étudiés entre fonctions du génome et prédispositions aux maladies expliquent l'impact d'un changement d'ADN ou la dérégulation précoce d'un gène. Même sans concept innovant, c'est une grille de lecture du génome et la France pourrait jouer un rôle dans l'utilisation judicieuse de ces nouvelles technologies.