

UNIVERSITÉ DE ZAGREB
FACULTÉ DE PHILOSOPHIE ET LETTRES
DEPARTEMENT D'ÉTUDES ROMANES

Mémoire de master
ÉPIGÉNÉTIQUE
(TRAVAIL TERMINOGRAPHIQUE)

Étudiante :

Anamarija Banjedvorec

Directeur de mémoire :

Mr.sc. Évaine Le Calvé Ivičević

Zagreb, septembre 2014

Table des matières

| | |
|--|----|
| I. Introduction..... | 3 |
| II. Partie théorique | 4 |
| 2.1. Introduction au domaine..... | 4 |
| 2.2. Terminologie | 6 |
| 2.3. Travail terminologique | 9 |
| 2.4. Méthodologie du travail terminologique | 10 |
| 2.5. Produits terminologiques..... | 18 |
| 2.6. Outils informatiques dans le travail terminologique | 19 |
| III. Partie pratique | 20 |
| 3.1. Traduction croate | 20 |
| 3.2. Glossaire français – croate..... | 51 |
| 3.3. Arborescence | 64 |
| 3.4. Fiches terminologiques..... | 65 |
| Annexe : corpus..... | 85 |
| IV. Conclusion | 86 |
| V. Bibliographie et sitographie | 87 |

I. Introduction

La terminologie est une discipline qui joue un grand rôle dans la traduction des textes spécialisés. En effet, outre les connaissances linguistiques et traductologiques, la traduction des textes spécialisés nécessite aussi une bonne connaissance du domaine concerné. Le traducteur ne doit pas seulement avoir une parfaite maîtrise de ses langues de travail, mais il doit aussi connaître l'ensemble des termes du domaine dans lequel il traduit. Puisque la pratique terminologique a pour l'objet de réaliser la compilation, la description et la présentation des termes¹, le résultat de cette pratique (qu'on appelle la terminographie) constitue un outil de connaissance important pour le traducteur.

Dans notre mémoire de master nous allons présenter un travail terminographique. Dans la partie théorique, nous allons d'abord présenter nos connaissances générales sur l'épigénétique, une discipline en plein essor faisant l'objet de notre recherche terminologique. L'épigénétique appartient au domaine de la biologie et au sous-domaine de la génétique. C'est pourquoi ce sujet a suscité notre intérêt. Ensuite, nous allons aborder les notions clés de la terminologie et de la recherche terminologique, et enfin, nous allons décrire les principales étapes dans la méthodologie du travail terminologique. Dans la partie pratique, en premier lieu nous allons proposer la traduction croate de trois articles français sur l'épigénétique qui diffèrent les uns des autres par le style et le degré de spécialisation du discours et qui serviront de base à notre analyse terminologique. Ce sont *Quelle place pour l'épigénétique ?* écrit par Michel Morange, biologiste moléculaire, *L'épigénétique ou Lamarck pourrait-il avoir raison ?* écrit par Daniel Locker, professeur de génétique, et *Épigénétique : comment se joue la partition du génome ?* écrit par Alice Bomboy, journaliste scientifique. Ensuite, nous allons constituer un glossaire bilingue des termes repérés dans notre corpus textuel et créer une arborescence qui représentera les relations entre les termes relevant du domaine de l'épigénétique. À la fin, nous allons rédiger vingt fiches terminologiques qui contiendront les renseignements disponibles relatifs aux termes choisis.

¹ Module 1, Introduction à la Terminologie, <http://ocw.um.es/cc.-sociales/terminologia/material-de-clase-1/module-i-fr.pdf> (page consultée le 3 septembre 2014).

II. Partie théorique

2.1. Introduction au domaine

La découverte et le décodage du code génétique inscrit dans l'ADN ont popularisé l'idée que la séquence de l'ADN représente l'unique support matériel de l'hérédité et que le fonctionnement du corps est programmé. Mais, aujourd'hui de nouvelles recherches ont sérieusement ébranlé cette idée que «tout est génétique». On a découvert que l'hérédité n'est pas entièrement contenue dans la molécule d'ADN parce la mise en œuvre de l'instruction portée par un gène (les biologistes emploient le terme d'*expression* du gène) dépend de nos conditions de vie (alimentation, respiration, exercice physique, stress)². En d'autres termes, un gène peut être activé ou désactivé par du matériel biochimique non génétique dépendamment des signaux de l'environnement cellulaire. Cela fait comprendre pourquoi les jumeaux génétiquement identiques présentent néanmoins des différences de santé. *« Au fur et à mesure qu'ils grandissent et se développent, ils vivent des expériences différentes, sont confrontés à un environnement physique et psychologique différent, et leur apparence change. Comment se peut-il que l'un soit en bonne santé et l'autre affecté d'un cancer par exemple? Cela s'explique par un mécanisme épigénétique dû aux conditions de vie. Le gène protecteur contre le cancer a été désactivé chez l'un et pas chez l'autre. S'ils sont identiques génétiquement, ils ne le sont pas épigénétiquement. »*³ Le développement d'un organisme dépend donc à la fois du code génétique et de sa mise en œuvre par des facteurs environnementaux. La science de l'épigénétique répond à la question de savoir quels sont les facteurs et les mécanismes qui peuvent rendre un gène actif ou inactif selon son environnement et dans quelle mesure ces modifications sont transmises héréditairement par l'intermédiaire des gamètes.

Les scientifiques ont découvert que les facteurs qui contrôlent l'activité des gènes sont de petites molécules, groupements chimiques, qui se fixent soit sur certaines parties de l'ADN lui-même, soit sur les histones qui lui sont associées. La fixation d'un groupement méthyle, la méthylation, est la principale modification épigénétique. Dans le processus de méthylation, les enzymes présents à l'intérieur de la cellule déposent cette petite molécule, le méthyle, sur la séquence promotrice d'un gène (sorte d'en-têtes de lecture d'un gène) ou sur la queue d'histone et rend ce gène illisible. Les histones méthylées deviennent enrobées par l'ADN de

² Boudet, Alain. « De l'ADN moléculaire à l'ADN vibratoire », http://www.spirit-science.fr/doc_humain/ADN2expression.html (page consultée le 16 avril 2013).

³ Ibid.

telle sorte qu'ils empêchent l'accès au gène et son expression. Le mode d'enroulement de l'ADN autour des histones peut aussi modifier l'activation et l'inactivation des gènes de l'ADN. Aussi longtemps que les histones ne se détachent pas de l'ADN, les gènes sont inactivés et leur activation dépend donc du type de liens entre histones et ADN⁴.

Puisque les altérations épigénétiques ne modifient pas les gènes eux-mêmes, les scientifiques croyaient qu'elles ne pouvaient pas être transmises à la descendance. Mais les observations, les enquêtes et les expériences de plusieurs équipes de chercheurs, sur des populations humaines et des animaux, ont prouvé que les modifications épigénétiques peuvent être transmises aux générations suivantes. Un exemple : *« Au cours du 19^e siècle, plusieurs famines ont eu lieu dans une petite commune du nord de la Suède, alternant avec des périodes d'abondance de nourriture, propices aux diabètes et aux maladies cardiovasculaires. Deux générations plus tard, certains individus souffrent de ces mêmes maladies alors qu'ils n'ont pas connu eux-mêmes l'alternance famine/abondance. »*⁵ Cela démontre que les habitudes alimentaires des grands-parents peuvent avoir des conséquences sur leurs petits-enfants.

Puisque la qualité de l'environnement et le vécu psychologique modifient le comportement de nos gènes par la voie épigénétique en les activant ou les désactivant et d'autant plus que nos enfants et nos petits-enfants peuvent hériter de ces changements, nous devons prendre soin de notre ADN. *« C'est en nous nourrissant correctement, en respirant largement, en apprenant à être décontracté, bref en sachant utiliser à bon escient tous les facteurs de santé que nous pouvons nous constituer un épigénome favorable à notre santé et notre épanouissement. »*⁶

Bien que l'épigénétique soit maintenant relativement bien connue et acceptée chez les scientifiques, la presse et les médias en parlent très peu. Même les généreux sites-web éducatifs sur l'ADN et l'hérédité se limitent à la pensée dominante du code génétique et de son déterminisme.

⁴ Paris, Robert. « Qu'est-ce que l'épigénétique ? », <http://www.matierevolution.org/spip.php?article2260> (page consultée le 6 janvier 2013).

⁵ Boudet, op. cit.

⁶ Ibid.

II. Partie théorique

2.2. Terminologie

2.2.1. Théorie et pratique terminologique

En faisant référence à la fois à la théorie et à la pratique terminologique, le concept de terminologie porte trois significations principales. Le sens le plus connu de la terminologie est l' « ensemble de mots techniques appartenant à une science, un art, un auteur ou un groupe social⁷ ». Dans un sens plus restreint, la terminologie désigne une « discipline linguistique consacrée à l'étude scientifique des concepts et des termes en usage dans les langues de spécialité⁸ », mais la terminologie est aussi définie comme « l'art de repérer, d'analyser, et, au besoin, de créer le vocabulaire pour une technique donnée, dans une situation concrète de fonctionnement de façon à répondre aux besoins d'expression de l'utilisateur⁹ ».

Depuis quelques décennies, Alain Rey, linguiste français, a proposé de faire la distinction entre la théorie et la pratique terminologique et de les dénommer terminologie et terminographie¹⁰, de sorte que la terminographie représente un « ensemble de pratiques dont l'objet commun est de décrire des termes », alors que la terminologie représente les modèles théoriques adéquats par lesquels ces pratiques gagnent à être soutenues¹¹. La terminographie est aussi définie comme « l'ensemble des activités de collecte, traitement, gestion, diffusion, et exploitations des terminologies et des collections terminologiques (...)»¹².

Les spécialistes de la terminologie sont le terminologue et le terminographe. Le terminologue définit l'objet de la discipline terminologie, analyse les concepts et leurs désignations, étudie les principes de formation et d'évolution des terminologies et les corrélations entre ensembles terminologiques. Il établit les principes que les terminographes doivent respecter, renseigne les responsables sur des décisions d'aménagement linguistique et

⁷ Pavel, Silvia et Nolet, Diane. *Précis de terminologie*, Hull : Bureau de la traduction, 2001 : 17, <http://www.btb.gc.ca/publications/documents/termino-fra.pdf> (page consultée le 11 juillet 2013).

⁸ Ibidem.

⁹ Nakos-Aupetit, Dorothy. « Réflexions sur la terminologie », *Meta : journal des traducteurs*, vol. 25, n°2 (juin 1980) : 254, <http://www.erudit.org/revue/meta/1980/v25/n2/001925ar.html?vue=resume> (page consultée le 11 juillet 2013).

¹⁰ L'Homme, Marie-Claude. *La terminologie : principes et techniques*, Montréal: Les Presses de l'Université de Montréal, 2004 : 15, http://books.google.hr/books?id=w222vwf6Mo0C&printsec=frontcover&hl=hr&source=gbs_ge_summary_r&cad=0#v=onepage&q&f=false (page consultée le 11 juillet 2013).

¹¹ Ibid. : 16.

¹² Gouadec, Daniel. « Terminologie, traduction et rédaction spécialisées », *Langages*, 39e année, vol. 39, n° 157 (2005) : 14, http://www.persee.fr/web/revues/home/prescript/article/lgge_0458-726x_2005_num_39_157_971 (page consultée le 11 juillet 2013).

essaye de faire appliquer ces décisions¹³. Le terminographe a pour but de recenser, constituer, traiter, gérer et diffuser des données et produits terminologiques¹⁴.

2.2.2. Débuts de la terminologie

Bien que des travaux terminologiques (ou plutôt terminographiques) aient été effectués depuis l'antiquité, le terme « terminologie » est attesté pour la première fois dans les écrits du professeur Cristian Gottfried Schutz au 18^{ème} siècle, quand la terminologie est apparue comme l'étude des termes en raison de l'évolution des techniques, de la nécessité d'échanger des informations et du besoin accru de communication dans le monde moderne¹⁵.

Néanmoins, la terminologie commence à revendiquer le statut de discipline au 20^{ème} siècle à partir des travaux de Eugen Wüster, ingénieur autrichien, qui a proposé dans les années 1930 une première formulation des principes de la théorie classique de la terminologie, appelée aussi *théorie générale de la terminologie (TGT)*¹⁶, réunis sous la notion de l'optique classique conceptuelle qui considère que « l'ensemble des termes d'un domaine spécialisé est le reflet de l'organisation des connaissances dans ce domaine » et que « ...les termes dénotent des concepts qui sont reliés entre eux selon différentes modalités ». L'organisation des concepts d'un domaine s'appelle sa *structure conceptuelle* ou son *système conceptuel*¹⁷.

2.2.3. Principe de base en terminologie

Le terminographe qui est guidé tout au long de son travail par l'organisation des concepts d'un domaine adhère à une démarche conceptuelle¹⁸, c'est-à-dire à une démarche onomasiologique, qui est le premier principe de base en terminologie¹⁹.

La démarche onomasiologique est l'une des deux méthodes possibles pour l'étude des termes. La seconde méthode est la démarche sémasiologique²⁰. Tandis que la démarche onomasiologique part du concept, c'est à dire de la notion pour aller vers les différentes

¹³ Gouadec, Daniel. *Terminologie : Constitution des données* (Paris : AFNOR, 1990), 3-4, http://www.gouadec.net/publications/Terminologie_ConstitutionDonnees.pdf (page consultée le 11 juillet 2013).

¹⁴ Ibid. : 4.

¹⁵ Dot, Odile. « La terminologie, noms et notions », *Communication et langages*, vol. 45, n° 1 (1980) : 126, http://www.persee.fr/web/revues/home/prescript/article/colan_0336-1500_1980_num_45_1_1380 (page consultée le 11 juillet 2013).

¹⁶ L'Homme, op. cit. 24.

¹⁷ Ibidem. : 25.

¹⁸ Ibidem. : 26.

¹⁹ *Le Pavel*, didacticiel de terminologie, 2.1.2. Principes fondamentaux de la recherche terminologique, <http://www.btb.termiumplus.gc.ca/didacticiel-tutorial/lecon-lesson-1/index-fra.html> (page consultée le 11 juillet 2013).

²⁰ *Initerm.net*, « Onomasiologie et sémasiologie », <http://www.initerm.net/post/2008/10/19/Onomasiologie-et-semasiologie> (page consultée le 11 juillet 2013).

réalisations des termes, la démarche sémasiologique va du signe vers le concept en étudiant les signes, leur formation, leur évolution et leur variabilité dans les corpus.

La terminologie a traditionnellement une démarche onomasiologique parce qu'elle s'intéresse à des notions (concepts) et aux mots ou expressions (les termes) qui les désignent, tandis que la démarche sémasiologique est plutôt la démarche du linguiste²¹. Mais, dans la pratique terminographique courante, bien que le terminographe soit guidé par la délimitation précise d'un concept, il adopte la démarche inverse de celle préconisée par la terminologie classique (c'est-à-dire la démarche sémasiologique) parce qu'il procède à un repérage des termes dans des textes et il en appréhende le sens après les avoir identifiés²².

2.2.4. Unité terminologique

Le terme ou l'unité terminologique est une « unité linguistique composée d'un ou de plusieurs mots, systématiquement associée à la même définition du concept qu'elle désigne dans un domaine donné »²³. Autrement dit, le terme est composé d'un contenu sémantique – notion ou concept et d'une forme lexicale – désignation, dont la relation dans les textes spécialisés est très stable²⁴. Le concept ou la notion est une « unité de pensée constituée d'un ensemble de caractères attribués à un objet ou à une classe d'objet et qui peut s'exprimer par un terme ou par un symbole »²⁵. Idéalement, un concept (ou une notion) correspond à un terme, et un terme correspond à une notion²⁶. Chacun des termes désignant un concept particulier devrait être en relation de monosémie avec ce concept dans la spécialité concernée. Mais, certains termes désignent plus d'un concept dans une ou plusieurs spécialités, ils ont donc plus d'un sens, c'est à dire qu'ils se trouvent en relation de polysémie²⁷.

La relation univoque du terme avec le concept spécialisé qu'il désigne dans un domaine donné et la stabilité du lien concept-terme sont deux des plusieurs caractéristiques par lesquelles on distingue le terme du mot. Ce qui différencie un terme d'un mot est aussi son environnement contextuel relativement invariable (ses *cooccurrents*), le répertoire restreint des structures grammaticales du terme (la plupart des termes sont des noms communs ou des

²¹ Ibidem.

²² L'Homme, op. cit. : 30.

²³ *Le Pavel*, op. cit. : 2.5.2. Structure des unités terminologiques.

²⁴ *Le Pavel*, op. cit. : 1.2.4. La différence entre « terme » et « mot ».

²⁵ Boutin-Quesnel, Rachel et coll.. *Vocabulaire systématique de la terminologie* (Québec : Publications du Québec, 1985), 18,

http://www.oqlf.gouv.qc.ca/ressources/bibliotheque/dictionnaires/voc_systematique_terminologie.pdf (page consultée le 11 juillet 2013).

²⁶ *Initerm.net*, « Onomasiologie et sémasiologie »

²⁷ *Le Pavel*, op. cit. : 2.5.5. Les relations entre les termes ou entre les termes et concepts.

syntagmes nominaux) et enfin, le fait que les mots sont des unités de la langue générale, tandis que les termes appartiennent à la langue de spécialité²⁸.

2.2.5. Langue de spécialité

Pour communiquer entre eux, les spécialistes d'une même discipline utilisent des outils linguistiques (lexicaux, morphologiques, syntaxiques) caractéristiques du domaine concerné, qui constituent la langue de spécialité²⁹. La langue de spécialité (ou la langue spécialisée) est donc « un système de communication verbale et écrite observée à travers l'usage particulier qu'en fait une communauté de spécialistes dans un domaine de connaissances déterminé³⁰ ».

En ce qui concerne la relation entre la langue de spécialité et la langue générale, il faut mentionner qu'entre ces deux langues se produit un échange de leurs unités. Les termes qui appartiennent à la terminologie d'un domaine particulier deviennent partie du vocabulaire d'un locuteur moyen et, parallèlement, des mots de la langue générale passent à divers domaines avec des signifiés précis dans chacun d'eux et différents entre eux. Ce processus linguistique par lequel des unités lexicales deviennent des termes s'appelle la terminologisation³¹.

La terminologie influe sur l'évolution des langues spécialisées qu'elle tend à uniformiser par le biais de la normalisation (établissement de la terminologie propre à un domaine) qui constitue un secteur important du travail terminologique³².

2.3. Travail terminologique

2.3.1. Travail terminologique monolingue et travail terminologique multilingue

Le travail terminologique peut se dérouler dans une seule langue ou au point de contact de deux ou plusieurs langues. Par conséquent, on distingue la terminologie unilingue et la terminologie comparée. La terminologie monolingue a pour but d'analyser des concepts et des termes des textes spécialisés dans une langue, alors que la terminologie comparée se

²⁸ *Le Pavel*, op. cit. : 1.2.4. La différence entre « terme » et « mot ».

²⁹ CST, *Recommandations relatives à la terminologie*, Conférence des Services de traduction des États européens, 2002 : 13, http://www.google.hr/url?sa=t&rct=j&q=cst+recommandations+relatives+%C3%A0+la+terminologie&source=web&cd=1&ved=0CCEQFjAA&url=http%3A%2F%2Fwww.bk.admin.ch%2Fdokumentation%2Fsprachen%2F05078%2Findex.html%3Flang%3Dfr%26download%3DM3wBPgDB_8ull6Du36WenojQ1NTTjaXZnqWfVp7Yhmfhnapmmc7Zi6rZnqCkkIN1gXyCbKbXrZ6lhuDZz8mMps2gpKfo&ei=uzyUUNLTMe_74QTVnlGoCg&u sg=AFQjCNH34p-y0VICyCOcYpt_TD8O_tmqkw&cad=rja (page consultée le 11 juillet 2013).

³⁰ Pavel et Nolet, op. cit. : 124.

³¹ Cabré, M. Teresa. « Terminologie et dictionnaires », *Meta : journal des traducteurs*, vol. 39, n° 4 (décembre 1994) : 593, <http://www.erudit.org/revue/meta/1994/v/n4/002182ar.html> (page consultée le 11 juin 2013).

³² CST, op. cit. : 12.

donne pour but d'étudier de manière comparative des systèmes conceptuels et des termes qui désignent ces concepts dans deux ou plusieurs langues³³.

Le travail terminologique monolingue a pour objectif de déterminer les termes privilégiés de certains concepts, de repérer les emprunts abusifs, de combler les lacunes de désignations, et également de créer des néologismes (afin de désigner des nouveaux concepts spécialisés, qu'ils soient de la langue de l'invention ou non, et afin de remplacer les termes désuets ou erronés), tandis que le travail terminologique multilingue vise à déterminer les différences dans le découpage des concepts et à arriver aux termes équivalents dans toutes les langues étudiées³⁴.

2.3.2. Recherche ponctuelle et recherche thématique

Selon les besoins des usagers de la terminologie, on distingue deux types de recherche ou travail terminologique : recherche ponctuelle et recherche thématique.

Pour répondre aux besoins urgents des usagers portant sur un terme ou un concept, on a recours à une recherche rapide – recherche ponctuelle, tandis que pour répondre aux besoins complexes portant sur des ensembles de termes dans un domaine, on fait une recherche thématique, délimitée par un thème donnée, qui exige plus de temps³⁵.

2.4. Méthodologie du travail terminologique

Dans la méthodologie du travail terminologique il y a plusieurs étapes. D'abord, il faut délimiter le domaine à étudier et établir le corpus textuel pour y repérer des termes et extraire les informations sur les concepts sous-jacents. Ensuite, le terminographe identifie des relations entre les concepts désignés par les termes repérés afin de créer l'arborescence, et enfin, il produit de fiches terminologiques pour les gérer dans une base de données³⁶.

2.4.1. Délimitation du domaine

Le domaine se définit comme une « sphère de l'activité humaine fortement délimitée thématiquement »³⁷. Chacune des subdivisions du domaine s'appelle sous-domaine. Le

³³ *Le Pavel*, op. cit : 1.2.6. Terminologie unilingue et terminologie comparée.

³⁴ *Ibidem*.

³⁵ *Le Pavel*, op. cit. : 1.3.4. La recherche ponctuelle et la recherche thématique.

³⁶ *Le Pavel*, op. cit. : 3.1. Introduction — Méthodologie du travail terminologique

³⁷ Pavel et Nolet, op. cit. : 107.

domaine auquel un terme est attribué s'appelle domaine d'emploi, qui sert à la classification et au repérage des termes. On distingue deux types de domaines d'emploi: domaine spécifique, celui « auquel un terme appartient en propre » et domaine connexe, celui « auquel un terme n'appartient pas en propre, mais dans lequel il est utilisé³⁸ ». Le domaine d'emploi donne une première approximation du sens du terme étudié et en précise le champ d'utilisation.

2.4.2. Etablissement du corpus

Le corpus est un « ensemble des sources orales et écrites relatives au domaine et qui sont utilisées dans un travail terminologique »³⁹.

Le corpus doit être représentatif du domaine à étudier et de ses sous-domaines si bien que le terminologue doit diversifier ses sources pour couvrir l'ensemble des notions propres au domaine⁴⁰. Le corpus peut comprendre documents internes à grande diffusion ou à diffusion restreinte, bases de données, dictionnaires, ouvrages terminologiques, bibliographies spécialisées, bibliographies de vulgarisation, sites et portails Internet, articles repérés dans les journaux et périodiques spécialisés, actes de colloques, conférences et symposiums, lois et règlements en vigueur, glossaires, lexiques, vocabulaires internes, manuels, brochures, dépliants, textes promotionnels, textes publicitaires, etc.⁴¹

La documentation écrite sert de base à l'établissement du corpus et ce type de corpus peut être divisé en corpus d'analyse et en corpus de référence. Le corpus d'analyse est celui qui sera dépouillé aux fins d'analyse terminologique, alors que le corpus de référence est celui qui sera utilisé dans la phase préparatoire des travaux ou lors de la recherche pour obtenir des informations complémentaires, terminologiques ou autres⁴².

2.4.3. Le dépouillement terminologique

Le dépouillement est une « lecture annotée d'un corpus textuel en soulignant les termes repérés et en marquant leur contexte en vue de la consignation sur fiches »⁴³.

Le terme peut être représenté par un mot (pris dans un sens spécialisé), un syntagme, une formule chimique ou mathématique, un code chiffré, un symbole, une appellation savante

³⁸ Boutin-Quesnel et coll., op. cit. : 20.

³⁹ Ibidem : 26.

⁴⁰ Auger, Pierre, Rousseau, Louis-Jean et coll. *Méthodologie de la recherche terminologique*, Québec : Office de la langue française, 1978, 26,
http://www.oqlf.gouv.qc.ca/ressources/bibliotheque/terminologie/methodologie_rechterm_1978.pdf (page consultée le 11 juillet 2013).

⁴¹ *Le Pavel*, op. cit. : 2.3.3. L'analyse de corpus textuels.

⁴² Ibid.

⁴³ Pavel et Nolet, op. cit. : 106.

en latin ou en grec, un acronyme, un sigle, une appellation officielle (titre d'un poste, d'un organisme, d'une unité administrative etc.)⁴⁴

Il peut être simple ou complexe. Les termes simples sont constitués d'un mot, tandis que les termes complexes sont composés de deux ou plusieurs mots qui sont séparés par des espaces blancs ou liés par des traits d'union, mais ils expriment un concept et du point de vue sémantique si bien qu'ils se comportent comme des mots simples⁴⁵.

Il y a deux critères qui peuvent rendre le repérage des termes plus facile. Ce sont des critères extra-linguistiques, qui sous-entendent le choix des termes selon leur pertinence par rapport au sujet ou aux besoins identifiés, et des critères linguistiques qui impliquent le choix des termes selon les catégories lexicales en raison du fait que la terminologie se restreint principalement aux substantifs et syntagmes nominaux, aux adjectifs et syntagmes adjectivaux et aux verbes et syntagmes verbaux⁴⁶.

2.4.4. L'analyse conceptuelle

L'analyse conceptuelle vise à « repérer, délimiter et décrire les caractéristiques d'un concept désigné par un ou plusieurs termes dans un domaine spécialisé ». La caractéristique (ou trait sémantique) est l'abstraction d'une propriété d'objet servant à décrire un concept ou notion⁴⁷. La caractéristique qui nous aide à déterminer si un objet appartient à une classe s'appelle caractéristique essentielle, est celle qui nous est indispensable pour distinguer un concept d'autre s'appelle caractéristique distinctive.

À l'aide de l'analyse conceptuelle on peut déterminer quelle relation entretient un concept avec d'autres concepts, quels termes sont vrais équivalents, interchangeables dans tous les contextes, et quels termes sont quasi-synonymes ou faux-synonymes⁴⁸.

2.4.5. Les relations entre les concepts

On distingue deux types de relations entre les concepts : les relations hiérarchiques, qui incluent les relations génériques et les relations partitives, et les relations non hiérarchique qui comprennent les relations associatives⁴⁹.

La relation générique est « une relation d'inclusion de termes au sens réduit, c'est-à-dire spécifiques, dans des termes couvrant une aire sémantique plus grande⁵⁰. » Autrement dit,

⁴⁴ *Le Pavel*, op. cit. : 1.2.4. La différence entre « terme » et « mot ».

⁴⁵ *Ibid.* : 1.2.5. Termes simples et termes complexes.

⁴⁶ Auger et Rousseau, op. cit. : 30-31.

⁴⁷ *Le Pavel*, op. cit. : Glossaire.

⁴⁸ *Ibid.*

⁴⁹ *Le Pavel* : 2.4.4. Les relations hiérarchiques.

⁵⁰ Zafio, Massiva N. « L'arbre de domaine en terminologie », *Meta : journal des traducteurs*, vol. 30, n° 2 (juin 1985) : 165, <http://www.erudit.org/revue/meta/1985/v30/n2/004635ar.html> (page consultée le 11 juillet 2013).

le concept représenté par le terme spécifique fait partie d'une classe de concepts représenté par un terme générique, duquel il diffère par au moins une caractéristique⁵¹. Dans cette relation générique-spécifique, le terme générique désigne un concept superordonné, tandis que le terme spécifique désigne un concept subordonné. Les concepts subordonnés de même niveau sont appelés concepts coordonnés⁵².

La relation partitive est « une relation hiérarchique établie entre un concept superordonné qui représente un tout, et des concepts subordonnés qui représentent ses parties⁵³ ». Les caractéristiques du concept superordonné (tout) ne sont pas transmises aux concepts subordonnés (parties) qui le composent. Les concepts « parties » de même niveau sont aussi appelés des concepts coordonnés⁵⁴.

La relation associative (appelée aussi méronymique) est « une relation non hiérarchique établie entre certains concepts en raison de leur proximité spatiale ou temporelle, comme la relation entre un contenant et son contenu, entre une activité et l'outil qui sert à l'accomplir, entre une cause et son effet, entre un producteur et son produit, etc. On peut voir que ces concepts ne partagent ni caractéristiques essentielles ni caractéristiques distinctives.⁵⁵

2.4.6. Arborescence

L'arbre de domaine ou l'arborescence est « la représentation sous forme arborescente des relations entre les concepts appartenant à un domaine d'activité⁵⁶. »

En ce qui concerne l'aspect visuel d'un arbre de domaine, selon la position du sommet sur le schéma, on distingue deux types d'arbres de domaine : l'arborescence verticale ou à progression verticale, dont le sommet se situe au point le plus haut du schéma, et l'arborescence horizontale ou à progression horizontale, dont le sommet de la figure occupe l'espace le plus à gauche de la page⁵⁷. Les relations génériques sont représentées à l'aide de nœuds sous forme de rectangles et à l'aide de branches qui forment un angle aigu par rapport au nœud. Les relations partitives sont représentées par des diagrammes en camembert ou par des diagrammes à barres, ressemblant à un râtelier, composés de nœuds sous forme de

⁵¹ Ibid.

⁵² *Le Pavel* : 2.4.4. Les relations hiérarchiques.

⁵³ Pavel et Nolet, op. cit. : 115.

⁵⁴ *Le Pavel*, op. cit. : 2.4.5. Les relations non hiérarchiques (Les relation associatives).

⁵⁵ Pavel et Nolet, op. cit. : 114.

⁵⁶ Ibidem : 103.

⁵⁷ Zafio, Massiva, op. cit. : 164.

rectangles et de barres parallèles qui forment des angles droits par rapport au nœud⁵⁸. Les relations associatives sont représentées en réseau à l'aide de flèches orientées⁵⁹.

L'établissement de l'arbre de domaine, qu'il soit unilingue, bilingue ou multilingue, pose certains problèmes, si bien qu'un arbre de domaine peut présenter des faiblesses qui nuisent à sa cohérence. L'arbre unilingue peut contenir des erreurs qui proviennent de la position au même niveau de mots qui n'ont pas la même extension (un générique à côté d'un spécifique), ainsi que celles qui sont provoquées par les mauvaises inclusions de termes spécifiques. Parfois, il peut s'agir d'une simple erreur de dénomination quand on n'a pas le mot exact⁶⁰. Les erreurs dans un arbre bilingue ou multilingue proviennent du fait qu'un arbre ne peut pas être toujours traduit dans une autre langue par la simple substitution de termes de la langue source par des équivalents de la langue d'arrivée. Parmi ces erreurs se trouvent l'équivalence partielle et la non-équivalence. L'équivalence partielle est due à la situation où la langue d'arrivée fournit un terme dont la signification est partiellement équivalente au terme de la langue de départ. La non-équivalence comprend la présence d'un terme au sens large dans une langue avec plusieurs équivalents possible dans l'autre, ou l'absence d'une dénomination dans l'une des deux langues⁶¹.

Quand même, l'arborescence présente d'énormes avantages : elle permet de visualiser toutes notions pertinentes dans le domaine, ainsi que des relations qui existent entre elles⁶².

2.4.7. Fiche terminologique

La fiche terminologique est un « modèle de présentation des données qui regroupe en divers champs tous les renseignements disponibles relatifs à un concept spécialisé »⁶³ et qui permet la synthèse et la systématisation des données concernant le concept étudié. La fiche doit suivre le principe d'uninotionnalité qui exige que toutes les données regroupées sur une fiche portent sur le même concept, ses désignations et ses relations avec les autres concepts d'un système conceptuel⁶⁴.

En fait, la fiche est un formulaire papier ou électronique composé d'espaces numérotés ou étiquetés pour certains types de renseignements, aussi appelés champs ou composantes. Les éléments de données essentiels d'une fiche terminologique sont le domaine auquel

⁵⁸ *Le Pavel*, op. cit. : 2.4.4. Les relations hiérarchiques.

⁵⁹ *Ibid.*

⁶⁰ Zafio, op. cit. : 167.

⁶¹ *Ibid.* : 166.

⁶² *Ibid.* : 168.

⁶³ Pavel et Nolet, op. cit. : 108.

⁶⁴ *Le Pavel*, op. cit. : 3.4.2. Les exigences et les contraintes propres à la rédaction.

appartient le concept, les termes désignant ce concept, leurs marques d'usage et leurs justifications textuelles⁶⁵.

Les marques d'usage permettent à l'utilisateur de trouver tous les renseignements sur les particularités d'usage des termes consignés désignant le concept étudié⁶⁶. Les bases de données terminologiques distinguent cinq catégories de marques d'usage : marques sociolinguistiques (terme neutre ou commun, appellation savante ou jargon, terme normalisé ou uniformisé) ; marques géographiques (terme qui ne s'emploie que dans un pays ou une région) ; marques temporelles (néologisme, archaïsme, terme désuet) ; marques d'origine professionnelle ou commerciale (quasi-synonymes préférés par certains spécialistes ou par certains fabricants par souci d'originalité) et marques de fréquence (terme fréquent, moins fréquent, rare)⁶⁷.

Les justifications textuelles englobent la définition, le contexte, l'observation, l'exemple d'emploi et le phraséologisme, qui doivent être accompagnées d'une référence et de l'indication de leur source.

La définition est une « formule lexicographique qui énonce les traits sémantiques distinctifs d'un concept »⁶⁸. Il existe deux grands types de définition : les définitions par extension et les définitions par compréhension. La définition par extension est utilisée rarement parce qu'elle consiste « à définir un concept au moyen d'une simple énumération de ses concepts spécifiques ou partitifs », tandis que la définition par compréhension, qui consiste « à situer un concept dans une classe d'objets puis à le distinguer des concepts connexes », est la plus courante en terminologie⁶⁹.

Les éléments constitutifs d'une définition sont le domaine (qui est généralement séparé du reste de la définition), le définisseur initial (qui peut être incluant ou faux incluant) et les caractéristiques essentielles et distinctives du concept à définir. Le définisseur initial est l'élément lexical par lequel débute une définition et qui en constitue le point d'encrage désignant le concept général le plus proche du concept à l'étude et indiquant sa place par rapport aux autres concepts dans un système conceptuel. Le définisseur incluant est celui qui permet d'établir une relation générique avec le concept à définir. On en distingue trois types :

⁶⁵ *Le Pavel*, op. cit. : 3.6.2. Les marques d'usage.

⁶⁶ *Ibid.*

⁶⁷ *Le Pavel*, op. cit. : 3.6.3. Les principales marques d'usage.

⁶⁸ Pavel et Nolet, op. cit. : 106.

⁶⁹ Vézina, Robert et coll. *La rédaction des définitions terminologiques*, Québec : Office québécois de la langue française, 2009, 7-8,

http://www.oqlf.gouv.qc.ca/ressources/bibliotheque/terminologie/redaction_def_terminologiques_2009.pdf

(page consultée le 11 juillet 2013).

genre prochain (incluant situé immédiatement au-dessus du défini dans un système conceptuel donné), genre éloigné (incluant situé au-dessus du concept à définir, mais à un niveau plus éloigné que le genre prochain) et genre suprême (incluant qui est un concept générique très large).

En fonction du type d'incluant, on peut distinguer deux modes de définition par compréhension - définition générique, qui débute par un genre prochain ou éloigné, et définition catégorielle qui débute par un genre suprême⁷⁰.

Pour rédiger une bonne définition on doit disposer des éléments constitutifs ainsi que suivre certains principes et règles définitoires. Une définition doit être claire, concise, adaptée aux lecteurs à qui elle s'adresse. Elle doit avoir une forme affirmative et tenir en une seule phrase. Elle doit contenir seulement les caractères essentiels et nécessaires, énoncer avec précision les caractères essentiels d'un concept et s'appliquer seulement au concept défini. Elle doit refléter la place qu'un concept occupe dans un système conceptuel et décrire un seul concept. La définition ne doit pas être une paraphrase du terme qui désigne le concept, ne doit commencer ni par un article, ni par un adjectif démonstratif, ni par un pronom démonstratif, ne doit pas être introduite par le terme à définir ni comprendre ce terme, ne doit pas être métalinguistique ni circulaire, etc⁷¹.

Le contexte est une « justification textuelle qui renseigne sur les traits sémantiques d'un concept ou sur l'usage d'un terme ». Il s'agit le plus souvent d'un segment de phrase, d'une ou plusieurs phrases juxtaposées où le terme étudié est occurrent⁷².

On distingue trois types de contextes : contexte définitoire, contexte explicatif et contexte associatif⁷³. Le contexte définitoire contient les traits essentiels du concept étudié, le contexte explicatif renseigne sur certains de ces traits⁷⁴, tandis que le contexte associatif illustre l'emploi d'un terme dans un domaine particulier sans référence aux traits sémantiques du concept désigné⁷⁵.

Étant donné que le rôle du contexte est d'éclairer le sens d'un terme, on doit choisir les contextes qui mettent en évidence les traits sémantiques du terme⁷⁶. Dans la fiche terminologique, il est essentiel que dans le contexte le terme apparaisse en entier et

⁷⁰ Ibid. : 8-10.

⁷¹ Ibid. :16-33.

⁷² Auger, Rousseau, op. cit. : 34.

⁷³ Pavel et Nolet, op. cit. : 105.

⁷⁴ Ibid. : 49.

⁷⁵ Ibid. : 107.

⁷⁶ Auger, Rousseau, op. cit. : 34.

appartienne à la même catégorie lexicale (nom, verbe, adjectif) que l'entrée⁷⁷. Donc, si le terme est un substantif, un texte illustrant un verbe ou un adjectif ne peut pas servir à son attestation. Cependant, la catégorie grammaticale (le genre et le nombre) peut être différente, sauf s'il s'agit d'un pluriel lexicalisé⁷⁸.

L'observation, aussi appelée note ou remarque, est un « type de justification textuelle qui renseigne sur les particularités du concept sans le définir ou sur l'emploi d'un terme sans nécessairement l'attester »⁷⁹. Autrement dit, c'est un énoncé bref (une ou deux phrases) rédigé ou cité pour préciser les particularités d'usage des termes désignant le concept de la fiche et pour éviter les confusions d'emploi, ainsi que pour expliquer la place du concept défini sur la fiche dans un système conceptuel afin d'éviter les confusions entre ces concepts⁸⁰.

Le phraséologisme est une « combinaison d'un terme avec un de ses cooccurrents privilégiés qu'on rencontre fréquemment dans un discours spécialisé »⁸¹. Les principales combinaisons phraséologiques en français sont : terme + nom, terme + adjectif, terme + verbe, terme + adverbe ou nom + terme, verbe + terme⁸².

La rubrique phraséologismes aide à reproduire un discours spécialisé ainsi qu'à clarifier certaines fonctions ou usages des concepts⁸³.

La validité, la concision, l'actualité et la complémentarité des données sont les principaux critères de la rédaction d'une fiche terminologique⁸⁴. Donc, avant de commencer la rédaction d'une fiche, il faut bien étudier le contenu du dossier terminologique afin de sélectionner ou de formuler la définition la plus complète, de citer le contexte qui met en évidence le mieux les caractéristiques du concept et choisir les renseignements les plus précis et les plus actuels sur l'emploi des termes⁸⁵.

⁷⁷ Ibid.

⁷⁸ Ibid.

⁷⁹ Pavel et Nolet, op. cit. : 113.

⁸⁰ *Le Pavel*, op. cit. : 3.5.7. L'observation.

⁸¹ *Le Pavel*, op. cit. : Glossaire.

⁸² *Le Pavel*, op. cit. : 2.5.6. La phraséologie et les cooccurrents en langue de spécialité.

⁸³ *Le Pavel*, op. cit. : 3.5.8. Les phraséologismes.

⁸⁴ Pavel et Nolet, op. cit. : 48.

⁸⁵ *Le Pavel*, op. cit. : 3.4.2. Les exigences et les contraintes propres à la rédaction.

2.5. Produits terminologiques

Pour diffuser les résultats du travail terminologique, transmettre le savoir et informer les intéressés sur l'usage de la terminologie d'un domaine, le terminologue crée des produits terminologiques⁸⁶. Les plus utilisés sont divers types de publications et bases de données⁸⁷.

2.5.1. Les publications

En fonction des différents besoins d'information des clients, il existe plusieurs types et formats de publications. Ce sont lexiques, vocabulaires et glossaires⁸⁸.

Le lexique est un répertoire bilingue ou multilingue constitué de termes appartenant à un domaine ou sous-domaine spécialisé qui ne comportent pas de définitions⁸⁹.

Le vocabulaire terminologique est aussi un répertoire des termes d'un domaine de spécialité, mais à la différence du lexique, il peut être unilingue, il comporte des définitions ou autres types de justifications textuelles des concepts concernés⁹⁰ et regroupe les termes classés soit par ordre alphabétique, soit dans l'ordre systématique des concepts définis⁹¹.

Le glossaire est une liste de termes hautement spécialisés ou difficiles à saisir et leur définition qui se trouve à la fin d'une monographie ou une étude d'un sujet spécialisé. Contrairement au lexique et au vocabulaire qui comportent toute la terminologie du domaine à traiter, le glossaire se limite aux termes mentionnés dans l'ouvrage en question⁹².

2.5.2. Les bases de données terminologiques

La base de données terminologiques est un « ensemble structuré de données logiquement reliées qui est accessible par logiciel »⁹³ qu'on peut consulter pour mieux comprendre les notions à définir, pour évaluer la qualité des termes qui les désignent et pour trouver des équivalents pour ces termes dans la langue cible ou dans les autres langues⁹⁴. C'est pourquoi les bases de données sont aussi des outils qu'on peut utiliser lors de l'étape de recherche en terminologie⁹⁵.

⁸⁶ *Le Pavel*, op. cit. : 1.3.9. Les produits terminologiques.

⁸⁷ *Le Pavel*, op. cit. : 1.4.1. Introduction — Les produits.

⁸⁸ *Le Pavel*, op. cit. : 1.4.2. Les publications.

⁸⁹ Pavel et Nolet, op. cit. : 111.

⁹⁰ Pavel et Nolet, op. cit. : 118.

⁹¹ *Le Pavel*, op. cit. : 1.4.2. Les publications.

⁹² Ibid.

⁹³ Pavel et Nolet, op. cit. : 104.

⁹⁴ *Le Pavel*, op. cit. : 4.4.2. Bases de données terminologiques.

⁹⁵ *Le Pavel*, op. cit. : 1.4.3. Les bases de données terminologiques.

2.6. Outils informatiques dans le travail terminologique

Bien que toute activité terminologique, à commencer par l'établissement du corpus et en finissant par la création des produits, peut se faire manuellement⁹⁶, grâce au développement rapide de l'Internet et à l'accessibilité des implications informatiques, les activités terminologiques sont réalisables aussi à l'aide de l'ordinateur⁹⁷. Par conséquent, l'emploi des outils informatiques est présent à presque toutes les étapes du travail terminologique : collecte des documentations, construction d'un corpus textuel, repérage des termes, collecte de données sur les termes, analyse de données recueillies et publication des produits terminologiques⁹⁸.

Les outils informatiques disponibles pour les terminographes sont la documentation imprimée, les CD-ROM et tout autre support d'information permettant le repérage des données ; ensuite, les logiciels de dépouillement terminologique et de consignation sur fiche, les concordanciers phraséologiques (logiciels qui repèrent les cooccurents typiques des termes dans les textes dépouillés lors d'une recherche thématique), les aligneurs de textes (logiciels qui mettent en parallèle des textes traduits afin d'en faciliter la comparaison paragraphe par paragraphe) et enfin, les logiciels d'édition et de publication électronique⁹⁹.

Pour faire référence à l'ensemble des activités liées à la description des termes dans lesquelles intervient une application informatique, on a créé une nouvelle discipline appelée *terminotique*, qu'on ne doit pas confondre avec une autre discipline constituant un domaine de recherche du traitement automatique de la langue dans les textes spécialisés et qui s'appelle *terminologie computationnelle*¹⁰⁰.

⁹⁶ Pavel et Nolet, op. cit. : XX.

⁹⁷ L'Homme, op. cit. : 17.

⁹⁸ L'Homme, op. cit. : 48.

⁹⁹ Pavel et Nolet, op. cit. : XX.

¹⁰⁰ L'Homme, op. cit. : 17.

III. Partie pratique

3.1. Traduction croate

Koje mjesto pripada epigenetici?

Epigenetske modifikacije kromatina danas su vrlo aktivno područje istraživanja. No zanimanje za epigenetiku mnogo je šire, što će ovo tematsko izdanje časopisa nastojati pokazati. Ta raznolikost onemogućava jednostavnu definiciju epigenetike. Povijesno istraživanje pokazuje kako je epigenetika oduvijek nadomještala nedostatke genetike. Razlikovanje genetike i epigenetike nalazi svoj smisao i s obzirom na cilj svakog živog bića, a to je reprodukcija: genetici pripada stvaranje primarne strukture makromolekularnih sastavnica, a epigenetici „ostalo“.

Epigenetika proučava...ono što genetika zanemaruje

Vidjeli smo da se termin „epigenetika“ koristi za opisivanje često vrlo različitih fenomena. Što je tomu razlog? Prvi dijelovi odgovora proizlaze iz proučavanja povijesnog konteksta u kojemu je termin osmišljen: uveden je zapravo dva puta. Početkom 1940-ih godina predložio ga je genetičar Conrad Waddington kako bi odredio novu znanost čiji je cilj proučavanje mehanizama kojima genotip određuje fenotip. Ta je nova znanost, kao što joj ime govori, nasljednica teorije o epigenezi, progresivnom stvaranju organizama za vrijeme embrionalnog razvoja, i predstavlja novi oblik epigeneze koji genima ostavlja mjesto koje im u tom procesu i pripada. Waddingtonovo poticanje na razvoj jedne takve znanosti implicitna je kritika genetike i podsjetnik na ono što bi ona trebala biti kada se ne bi zadovoljavala otkrivanjem gena i njihove pozicije na kromosomima. Od samog početka epigenetika je dakle reakcija na „nedostatke“ genetike. Ovaj neortodokсни karakter epigenetike pojačan je vrlo originalnim predodžbama C. Waddingtona o ulozi gena i genetskim mehanizmima koji stoje u pozadini evolucije živih bića. Slika epigenetskog krajolika naročito predočava te zamisli: geni predstavljaju krajolik kojim stanice prolaze dok se diferenciraju, kao što rijeke teku uzduž doline. Prema tom viđenju, brojni geni posredno sudjeluju u razvoju organizama. Ovo prvo značenje riječi epigenetika danas se koristi kad govorimo o epigenetskoj kontroli stvaranja sinapsi: radi se o razumijevanju neizravnog puta koji vodi od gena do precizne strukture organizma.

Drugo značenje riječi epigenetika, koje danas prevladava, nastaje malo po malo sredinom 1970-ih, a to je kontrola aktivnosti gena metilacijom DNA ili modifikacijom sastavnica kromatina. Povijesni je kontekst dakle vrlo raznolik: François Jacob i Jacques Monod početkom 1960-ih predlažu model operona, prvi molekularni model regulacije aktivnosti gena, i oblikuju pretpostavku prema kojoj analogni mehanizmi objašnjavaju promjene u genskoj aktivnosti koje se događaju za vrijeme stanične diferencijacije i embrionalnog razvoja. Nakon oduševljenog prihvatanja tog otkrića, pojavila su se brojna suprotna mišljenja. Mnogo embriologa smatra da su promjene u aktivnosti gena koje se događaju za vrijeme embrionalnog razvoja općenite i istovremeno zahvaćaju stotine i milijune njih. Ako modeli proizašli iz operona mogu objasniti promjene u aktivnosti koje se događaju u posljednjim etapama stanične diferencijacije, ostali općenitiji mehanizmi mora da su odgovorni za prve etape razvoja, a modifikacije kromatina mogu predstavljati jedan takav mehanizam. Broj istraživanja kojima se otkriva različita aktivnost gena s obzirom na stanje kromatina raste 1960-ih godina što dovodi do utvrđivanja prvih modifikacija histona. Na temelju promatranja mogućih modifikacija DNA u bakterija, Arthur Riggs i Robin Holliday istovremeno su 1975. godine iznijeli pretpostavku prema kojoj metilacija DNA može sudjelovati u kontroli ekspresije gena, prije nego što je to eksperimentalno potvrđeno.

Tako pojmljeni epigenetski mehanizmi tiču se stanične diferencijacije i embrionalnog razvoja: epigenetska se regulacija dakle čuva za vrijeme stanične diobe, to jest mitoze. Tek kasnije će se pokazati, osobito u biljaka, da se može očuvati i tijekom mejoze, te biti uzrokom nasljednih promjena.

Postoje dakle dvije različite povijesne upotrebe termina epigenetika koje pripadaju različitim znanstvenim kontekstima, ali imaju zajedničku dodirnu točku, a to je pojava epigenetike kao reakcije na „nedostatke“ genetike: njezinu nesposobnost da 1940. objasni kako na temelju genotipa nastaje fenotip i, prema mišljenju većine embriologa, da ponudi vjerodostojne mehanizme kontrole aktivnosti gena za vrijeme embrionalnog razvoja. U toj suprotnosti prema genetici epigenetika je našla i još danas pronalazi svoje temelje i svoju zavodljivu moć. Svi fenomeni koje nazivamo epigenetskim suprotstavljaju se na ovaj ili onaj način genetici ili pokazuju njezine nedostatke bilo kršenjem zakona genetike bilo ukazivanjem na ograničenost moći gena. Zasigurno nije slučajnost da se danas najvažniji radovi o epigenetici najvećim dijelom usredotočuju na ulogu kromatina u kontroli ekspresije gena. Precizna struktura kromatina u staničnoj jezgri i mehanizmi koji osiguravaju njegovu reprodukciju

tijekom stanične diobe i dalje, usprkos svim radovima, ostaju u velikoj mjeri nepoznati. Nemogućnost da pri objašnjavanju regulacije aktivnosti gena **transkripcijskim činiteljima** uzmemo u obzir strukturu kromatina stvara prazninu koju epigenetika pokušava ispuniti. Epigenetski su modeli oduvijek na sebi nosili miris hereze, koja postaje sve veća time što epigenetske promjene mogu biti izazvane **okolišem**, što otvara vrata mogućnosti **nasljeđivanja stečenih svojstava** i često prizivanom povratku **lamarkizma**. Koketiranje s herezom izvor je užitka što područje epigenetike čini izazovnim.

Genetika i epigenetika sudjeluju u reprodukciji na različit način

Pogled iz povijesne perspektive omogućuje shvaćanje onoga što je zajedničko različitim uporabama termina epigenetika. Kako bi se napravio korak dalje, isto je tako potrebno privremeno napustiti pojam **naslijeđa** u korist pojma reprodukcije.

Reprodukcija organizama zahtijeva reprodukciju složenih struktura i funkcija koje su i same rezultati grupiranja i interakcija makromolekula, uglavnom **proteina**. Reprodukcija dakle uključuje i embrionalni razvoj. Na koji su način živa bića osigurala taj temeljni proces svakog oblika života? Problem su rastavili na dva dijela: zahvaljujući **genetskoj informaciji** koja je pohranjena u obliku molekule DNA i koja se čita uz pomoć **genetskog koda**, bića gotovo savršeno reproduciraju svoje makromolekularne sastavnice, a za rješavanje drugog dijela problema, za grupiranje u složene strukture i funkcije, snašla su se svakako: jedan je dio kvantitativne informacije (koliko komada?) i kvalitativne informacije (u kojem tkivu i u kojem trenutku?) zapisan u **regulatornim sekvencama** u blizini kodirajućih dijelova gena, a drugi je dio epigenetski i rezultat je položaja gena u jezgri i stanja kromatina. Iako je ponekad organiziranje i grupiranje u složene strukture usmjeravan proces, u većini je slučajeva autonoman, to jest određen prirodom sastavnica i fiziokemijskim okruženjem u kojemu se one nalaze. Nisu svi organizmi razvili iste načine reprodukcije: papučice su pronašle posve originalna rješenja.

Zašto postoji ta raznolikost, ta anarhija mehanizama? Zato što je jedini zadatak živih bića učinkovita reprodukcija. Ako reprodukcija nije zadovoljavajuća, život će se sam po sebi ugasiti. Sa stajališta reprodukcije, najviše začuđuje činjenica da se, zahvaljujući memorijskoj **molekuli** DNA, stvorio tako savršeni mehanizam **replikacije** molekularnih struktura. Za **morfogenezu**, to jest organiziranje složenih struktura, život je iskoristio složene recepte: ponovo je preko regulatornih sekvencu iskoristio **genom**, ali i mnogo drugih načina koje

možemo nazvati epigenetskima. Genetika i epigenetika dakle zajedno doprinose reprodukciji, ali na različit način.

Zaključci

Što nas navodi na takvo razlikovanje genetike i epigenetike što se tiče sudjelovanja u reprodukciji? Kao prvo, moramo uočiti svu posebnost genetskih mehanizama. Upravo oni svojom savršenosti čine iznimku. Pretpostavimo da se proteini ne sintetiziraju dekodiranjem gena, kako što se to danas smatra, nego koordiniranim djelovanjem višestrukih **proteaza** koje funkcioniraju u obrnutom smjeru, što su predlagale pristaše multienzimskog modela koji je dominirao 1940-ih godina. Razlika između genetike i epigenetike ne bi postojala i reprodukcija bi u cijelosti počivala na epigenetskim mehanizmima. To omogućuje genetici da se dobro drži usprkos brojnim kritikama koje su joj upućene. Možemo sa zadovoljstvom dekonstruirati gen, ali nas to ne može navesti da zaboravimo kako strukture i funkcije živih bića počivaju na svojstvima složenih makromolekula i da su organizmi pronašli sofisticiran i precizan mehanizam za reprodukciju svojih primarnih struktura. Međutim ideja o genetskom programu bila je neopravdano protezanje mehanizma reprodukcije makromolekularnih sastavnica na cijeli organizam. Taj pojam opstaje danas samo u obliku blijede metafore.

To ostavlja mnogo mjesta epigenetici, to jest mogućnosti da okoliš modificira značajke živih organizama i da se te modifikacije mogu prenositi tijekom **generacija**. Predstavlja li epigenetika budućnost **biologije**? Jesu li današnji uspjesi znakovi upozorenja skorašnje revolucije u poznavanju živog bića i ulaska biologije u novu razvojnu eru? Čini mi se da je potrebno upozoriti na tri stvari.

Mogućnost modificiranja živih bića okolišem i prenošenja tih modifikacija ne podrazumijeva povratak lamarkizmu prema kojemu je pokretač evolucije unutarnja sposobnost organizama da se prilagode okolišu. **Epigenetsko nasljeđivanje** kakvo danas poznajemo odnosi se samo na ekspresiju mikromolekularnih sastavnica, a ne na njihovu strukturu, te na kratak period života (najviše nekoliko generacija). U biljaka glavna je uloga epigenetskih mehanizama deaktivacija napasnih genetskih elemenata kao što su virusi. Radi se dakle o odgovoru organizma na određenu značajku njegove okoline. Smiono bi bilo reći da je to glavni pokretač evolucije!

Najveći dio reprodukcije, to jest reprodukcija makromolekularnih struktura, točnije, način povezivanja osnovnih sastavnica koji ih sačinjavaju, i čak jedan dio regulacije njihove

ekspresije izmiče i uvijek će izmicati epigenetici: epigenetika nikad neće zamijeniti genetiku. Kao što je to predložio John Maynard Smith, potrebna preciznost pri reprodukciji makromolekularnih sastavnica nikako se ne može prilagoditi nepreciznostima epigenetskih mehanizama. To nas navodi da pomislimo (radi se samo o pretpostavci) kako će epigenetske modifikacije imati mjesto u objašnjavanju bolesti poput raka, ali će to mjesto ostati manje važno u odnosu na mjesto koje će pripasti genetskim promjenama. Ipak, brže povlačenje neke bolesti i njezin nepravilan tijek povećavaju vjerojatnost uplitanja epigenetskih mehanizama.

Glavna je značajka epigenetskih mehanizama njihova raznolikost. **Prirodna selekcija** odabrala je „ono“ što napreduje: od promjena kromatina do samoorganizacije, koristeći procese dinamičke memorije. Princip ekonomičnosti vodio je prirodnu selekciju: za ograničavanje energije koju zahtijeva reprodukcija korištena su bilo strukturna bilo termodinamička ograničenja, kao primjerice u reprodukciji trodimenzionalnih struktura proteina, koja je u većini slučajeva jednostavna potraga za minimumom energije, ubrzana prirodnom selekcijom. Mišljenje da u genima nema dovoljno informacija za objašnjenje reprodukcije živih bića je ispravno, ali svejedno ne uključuje traženje nekog drugog mehanizma jednako savršenog kao što je kodiranje genetske informacije kako bi se popunila ta praznina. Nesumnjivo je pogrešna i želja za utvrđivanjem pravila koja se tiču epigenetskih mehanizama. Podaci kojima trenutno raspolazemo pokazuju raznolikost postojećih epigenetskih mehanizama: različite modifikacije histona ili zamjena manjim oblikom histona mogu imati isti učinak, međutim ista modifikacija može imati suprotne učinke ovisno o tome o kojoj se stanici ili genima radi. Usavršena je reprodukcija značajki organizma, a ne put koji tomu vodi.

Epigenetika ili bi li Lamarck mogao bit u pravu?

Sažetak

Termin epigenetika dugujemo Conradu Waddingtonu (1905.-1975) koji ga je prvi put upotrijebio 1942. godine kako bi imenovao „granu biologije koja proučava uzročno-posljedične veze između gena i njihovih proizvoda koje dovode do fenotipa. Domena epigenetike pojavila se dakle kako bi se premostio jaz između urođenog i stečenog (prirode i odgoja). Godine 1994. Robin Holliday proširio je pojam epigenetike novom definicijom: epigenetika je „proučavanje promjena u ekspresiji gena koje se mogu naslijediti za vrijeme mitoze i/ili mejoze, a nisu uzrokovane promjenama **sekvence** DNA“. **Deaktivacija X-kromosoma**, **roditeljski otisak** ili utjecaj **prehrane** na izražavanje gena neke su od prilično spektakularnih promjena otkrivenih u ekspresiji gena. Moglo bi se reći da je nasljeđivanje epigenetskih modifikacija mejozom u skladu s Lamarckovim modelom, no to se povezivanje ipak čini pogrešnim: epigenetika ne jamči nasljeđivanje stečenih osobina kakvo su pojмили Lamarck i Darwin. Ipak, **epimutacije** su etape brzog prilagođavanja na promjenu u okolišu, pokretači **mutacija** koje će biti podvrgnute prirodnoj selekciji.

Prošlo je točno 200 godina otkako je Lamarck objavio Filozofiju zoologije. On je osmislio termin biologija i prvi predložio klasifikaciju beskralježnjaka. U Filozofiji zoologije predlaže ideju o evoluciji vrsta: „*Svako živo biće potječe od živog bića. Stoga, ako postoje organizmi složeniji od ostalih, možemo zaključiti da je morao postojati neki proces da bi se do toga došlo, to jest evolucija vrsta.*“ Kako bi objasnio evoluciju, on zastupa staru pretpostavku o nasljeđivanju stečenih osobina. Suprotno onome što možemo često pročitati, tu pretpostavku nije predložio Lamarck; ona naime postoji od Aristotelova doba i bit će pobijena tek krajem 19. stoljeća u radovima A. Weismanna. Kako bi objasnio razlike među jedinkama, Darwin se također oslanja na tu pretpostavku u svojim radovima o pripitomljivanju. „*Nedvojbeno je da u naših domaćih životinja korištenje određenih dijelova tijela očvršćuje i razvija te dijelove, da ih nedovoljno korištenje smanjuje, i da su promjene tog tipa nasljedne...*“ Gotovo od riječi do riječi preuzima Lamarckove tvrdnje: „*Kao prvo, velik broj poznatih činjenica dokazuje da uporaba nekog organa doprinosi njegovu razvoju, očvršćuje ga i povećava, dok svakodnevno nedovoljno korištenje nekog organa, ako postane uobičajeno, šteti njegovu razvoju i, ako se to nedovoljno korištenje nastavi duže vrijeme, uzrokuje njegov nestanak kod svih jedinki u sljedećim naraštajima. Prema tome možemo*

zaključiti da uslijed neke promjene u okolnostima koja tjera jedinke neke vrste da promijene navike, organi koji se manje koriste malo po malo nestaju, dok se oni koji se koriste više bolje razvijaju, jačaju i rastu u skladu s tim koliko ga jedinke uobičajeno koriste, što se prenosi na sljedeći naraštaj.“

Dva iznenađujuća primjera prenošenja svojstava

Prema Mendelovim pravilima (zakonima), svaka jedinka nasljeđuje polovicu očevih i polovicu majčinih gena. Međutim početkom 20-og stoljeća Bateson, tvorac termina genetika, iznosi na vidjelo nekoliko iznimaka od tog pravila. Kao veliki Mendelov poklonik, za svoja je istraživanja koristio isti modelni organizam kao i Mendel – grašak – i križanjima dobio neuobičajen fenotip. Uočio je da su biljke F1-generacije imale intermedijarni fenotip (fenomen nepotpune dominacije koji je već Mendel bio uočio), ali isto tako i to da su sve biljke F2-generacije imale neuobičajen fenotip. Bateson se zapravo našao licem u lice s prvim epigenetskim fenomenom – paramutacijom. Taj fenomen koji je A. Brink iscrpno proučavao na kukuruzu danas se smatra uobičajenim fenomenom. Riječ je o dijalogu između različitih alela u heterozigota koji dovodi do stvaranja dvaju identičnih alela u potomstva. Nedavni rezultati istraživanja na biljkama i životinjama omogućuju bolje razumijevanje onoga što se događa na molekularnom nivou.

Prvi rezultat istraživanja, za koje je kao modelni organizam poslužio uročnjak (*Arabidopsis thaliana*), iz porodice krstašica, odnosi se na mutanta *hothead* (što znači usijana glava). Mutant se razlikuje nenormalnim razvojem, osobito stapanjem više organa, a samooplođnjom homozigotnih mutanata (nastalih točkastom mutacijom gena *hothead*) dobiva se potomstvo u kojem ima 10% normalnih jedinki. Taj je začuđujući rezultat, dobiven zbog 11 različitih mutacija istoga gena, posebno neobičan ako se mutirana sekvenca gena ne nalazi na kromosomima roditelja. Da bi se objasnio taj rezultat, ponuđen je sljedeći mehanizam: ispravna verzija gena prisutna je u obliku molekule RNA prenesene s „prabake i pradjeda“ na „unuke“. Mutirani će gen biti ispravljen zahvaljujući toj sekvenci RNA koja igra ulogu predmemorije računala koja nevidljivo čuva informacije. Mendelovi pokusi s graškom omogućili su postavljanje temelja klasičnoj formalnoj genetici. Hoće li i uročnjak ući u skupinu biljaka koje su izazvale prevrat u formalnoj genetici?

Drugi je rezultat istraživanja, koje je ovog puta provedeno na mišu, pokazao prisutnost istog fenomena paramutacije u sisavaca. U miša gen *kit* kodira receptor tirozin-kinaze, a homozigotni miševi mutanti zbog tog gena brzo umiru. Heterozigotni miševi prežive i posebni

su po tome što su im šape i kraj repa bijele boje. Križanje heterozigotnih miševa ne dovodi do **mendelovskoga nasljeđivanja**. Visok udio miševa koji nisu bili mutanti imali su bijele šape. Što je još zanimljivije, ta se paramutacija prenosila na sljedeće naraštaje. U tom prenošenju molekularna su istraživanja pokazala ulogu epigenetskih modifikacija djelovanjem malenih molekula RNA specifičnih za gen *kit*. Ta se dva zapažanja, kao i ona današnja, objašnjavaju pomoću epigenetskih fenomena.

Što znači riječ epigenetika?

Riječ epigenetika nije novijeg datuma jer ju je još 1942. godine osmislio C. Waddington kako bi objasnio odnos između genotipa i fenotipa. Prisjetimo se nekoliko definicija: fenotip je skup vidljivih značajki nekog pojedinca, na razini organizma pa sve do molekularne razine. Genotip je skup genetskih informacija nekog pojedinca. Međutim precizno poznavanje genotipa, što je omogućeno metodama **sekvenciranja** genoma, u današnje vrijeme nije dovoljno za predviđanje fenotipskih značajki pojedinca. Fenotip je rezultat i genetske informacije i „povijesti“ gena.

R. Holliday precizirao je 1994. godine pojam epigenetike na sljedeći način: „*Epigenetika je proučavanje promjena u ekspresiji gena koje se nasljeđuju tijekom mitoze i/ili mejoze i nisu izazvane promjenama sekvence DNA.*“ Epigenetske modifikacije prenijet će se na nekoliko različitih nivoa – bilo mitozama na cjelokupno staničje neke jedinke bilo mejozom na potomstvo.

Svi rezultati koji odstupaju od pravila mendelove genetike kao što su paramutacije (vidi gore u tekstu), roditeljski otisak, **efekt pozicije**, **transvekcija** i deaktivacija X-kromosoma u sisavaca smatraju se epigenetskim fenomenima. Međutim ti fenomeni nemaju svi iste mehanizme.

Kako se mogu objasniti epigenetske modifikacije?

Molekularni mehanizmi epigenetike smještaju se na dvije razine – bilo na razinu molekule DNA bilo na razinu kromatina. Prisjetimo se da je kromatin oblik u kojem je molekula DNA zbijena u staničnoj jezgri, a sastoji se od molekule DNA i malih bjelančevina koje se nazivaju histoni. Zbijanje molekule DNA u kromatin odvija se njezinim namatanjem oko **oktamera** histona čime nastaje **nukleosom** (Slika 1.). Jača ili slabija zbijenost molekule DNA utječe na ekspresiju gena. U nukleosomu histoni su dostupni svojim **N-terminalnim krajem**.

Epigenetski mehanizmi izazivaju djelovanje dvaju čimbenika: jedan označava kromatin na razini molekule DNA ili histona, a drugi čita te oznake. Pod nazivom epigenetske modifikacije obuhvaćaju se različiti mehanizmi kao što su dodavanje **kemijskih skupina** na molekulu DNA ili na bjelančevine u kromatinu (histone), a da se pritom ne modificira slijed **G, A, T, C** dušičnih **baza**, ili prepoznavanje kromatina **nekodirajućom RNA**. Tako je primjerice dodavanje **metilne skupine** **metil-transferazama** na bazu C molekule DNA **epigenetska oznaka** potaknuta izvanstaničnim ili unutarstaničnim djelovanjem okoliša. Čim se prepozna, ta oznaka izaziva **utišavanje** gena. **Acetilacija** histona epigenetska je oznaka koja izaziva **aktivaciju** gena. Pretpostavlja se da na razini kromatina postoji **histonski kod** (Slika 2.) koji omogućava aktivaciju ili utišavanje gena. Taj kod obuhvaća metilacije, acetilacije, **fosforilacije** na razini N-terminalnog repa histona i **varijante histona** koji se nalaze u određenim nukleosomima. Način na koji funkcionira taj kod još nije shvaćen. Koji dio kromatina označiti, kako očuvati označivanje za vrijeme replikacije molekule DNA i kako odstraniti epigenetske oznake, pitanja su na koja se danas traži odgovor.

Bolesti i epigenetika

Brojne su bolesti povezane s epigenetskim poremećajima kao na primjer rak. Odnosi između stanica tumora i epigenetike još uvijek nisu jasne. Međutim uspoređujući stupanj metilacije molekule DNA kontrolnih stanica i stupanj metilacije tumorskih stanica, primijećeno je da su tumorske stanice **hipometilirane**. Izostanak metilacija određenih gena mogla bi ih ponovo aktivirati i tako pridonijeti razvitku raka.

Rettov je sindrom još jedan primjer epigenetskog poremećaja, povezan s mutacijom MeCP2 gena za kodiranje proteina koji prepoznaje **metilirane citozine**. Djeca oboljela od tog sindroma razvijaju se normalno sve do šeste ili osme godine kada se počinje primjećivati nenormalan razvoj govora, kompulzivne radnje ruku (pranje ruku, uvrtanje, itd.) te nestabilan i nesiguran hod. Još jednom loša regulacija genoma dovodi do točno određenog sindroma.

Tri primjera epigenetskih fenomena

Proučimo dublje tri primjera epigenetskih fenomena koji se odvijaju na različitim razinama. Deaktivacija **X-kromosoma** u sisavaca koja se odvija prilikom mitoze, roditeljski otisak koji se odvija prilikom mejoze i poništava kod svake generacije, te prehrambene navike koje dovode do prenošenja epigenetskih oznaka s naraštaja na naraštaj.

Deaktivacija X-kromosoma poznata pod imenom lionizacija

Sasumu Ohono prvi je puta 1959. godine pokazala da su dva X-kromosoma u sisavaca različita. Jedan se ponaša kao autosom, a drugi je kondenziran. Britanska istraživačica Mary Lyon produbit će to otkriće 1961. godine opisujući taj fenomen na sljedeći način: vrlo rano tijekom embriogeneze u svakoj stanici jedinke ženskoga spola jedan se od dva X-kromosoma deaktivira. Ta je deaktivacija nasumična i dovodi do utišavanja ekspresije gena na deaktiviranom X-kromosomu. Nadalje, ona je postojana i očuvana prilikom mitoze pa u stanicama ostaje samo jedan aktivan X-kromosom, bilo očevo Xp-kromosom bilo majčin Xm-kromosom. Mehanizmi koji se događaju za vrijeme deaktivacije još uvijek nisu razjašnjeni, ali se neka objašnjenja mogu ponuditi. Provodeći istraživanja na mišu, istraživači su najprije otkrili centar deaktivacije X-kromosoma (Xic), dugačak milijun baza (1Mb). Delecija tog centra aktivira X-kromosom, a njegove translokacije na autosom dovode do deaktivacije X-kromosoma. Jedan od najvažnijih gena tog centra koji su nazvali gen Xist otkriven je 1991. godine. Na početku razvoja taj se gen nasumce izražava bilo na Xp-kromosomu bilo na Xm-kromosomu i upravlja sintezom molekule RNA od 19 kilobaza. Međutim ta se molekula RNA ne prevodi u protein, što znači da je riječ o nekodirajućoj RNA. Gen se proizvodi u velikoj količini i posve prekriva jedan od ta dva X-kromosoma (Xp ili Xm) i deaktivira ga tako što zaustavi transkripciju ostalih gena. Međutim pitanje je kako se odabire koji će se od dva X-kromosoma deaktivirati. O tome odlučuje autosomalni faktor koji je prisutan u malim količinama i koji slučajnim odabirom metilira bilo promotor gena Xist Xp-kromosoma bilo promotor Xm-kromosoma i tako onemogućava njegovo funkcioniranje.

Roditeljski otisak u sisavaca

Roditeljski otisak ili genomski otisak otkriven je prilikom proučavanja zašto preživljavanje embrija formiranih od dva ženska genoma ili dva muška genoma nije moguće. Ista genetička informacija u nekoj zigoti razlikuje se s obzirom na to je li naslijeđena materinskom ili očinskom gametom. Možemo zaključiti da genomi „imaju spol“ zbog toga što su određene sekvence DNA utišane s obzirom na to potječu li od majke ili od oca. Geni na tim područjima imaju samo jedan funkcionalni alel i sve mutacije koje dovode do recesivnog fenotipa bit će izražene (efekt haploidizacije). U današnje vrijeme oko 200 različitih gena smještenih na tim područjima podložni su roditeljskom otisku. Mehanizmi koji se odvijaju na molekularnoj razini i dalje su slabo poznati, osim činjenice da se epigenetsko označavanje kao što su metilacija ili pričvršćivanje nekodirajuće RNA na određenim područjima javlja na

različit način u muškim i ženskim gametama. To se označivanje briše pri svakoj novoj generaciji, a zatim obnavlja tijekom **gametogeneze**.

Roditeljski otisak uzrokuje nekoliko bolesti u ljudi, kao na primjer Angelmanov i Prader-Willijev sindrom, koji dovode do različitih fenotipa. Za Prader-Willijev sindrom karakteristična je hipotonija mišića, gojaznost, hipogonadizam i blaga mentalna retardacija, dok je za Angelmanov sindrom karakteristična teška mentalna retardacija, konvulzije i bezrazložan smijeh. Ova dva sindroma uzrokuje ista genetska anomalija – delecija genetskog materijala na 15. kromosomu, od 15q11 do 15q13, a zahvaća područje podložno roditeljskom otisku, što objašnjava neobično nasljeđivanje bolesti: ako je deleciju prenijela majka, djeca će imati Angelmanov sindrom; ako ju je prenio otac, dijete će imati Prader-Willijev sindrom.

Beckwith-Wiedemanov sindrom povezan je s prevelikim prenatalnim rastom i visokim rizikom oboljenja od raka. Uzrokuje ga deregulacija ekspresije gena na kromosomskom području 11p15 koja je podložna roditeljskom otisku. Oboljeli imaju **bialeličnu** ekspresiju IGF2 gena tijekom razvoja, dok je obično samo očinska kopija tog gena aktivna.

Epigenetika i prehrana

Istraživači sa Sveučilišta Duke u Sjevernoj Kaliforniji pokazali su 2003. godine kako prehrana šarenih miševa može izmijeniti njihov fenotip, ali ne promjenama u sekvenci DNA, već promjenama u profilu metilacije molekule DNA njihova genoma. S obzirom na broj metilne skupine na **transpozonu** 5'-kraja gena *agouti*, mišja je dlaka obično žute, smeđe ili mješavine tih dviju boja. Ta metilacija ovisi o prehrani miša. Ako su miševi hranjeni s previše folne kiseline, mišje potomstvo imat će smeđe krzno, dok će krzno potomstva miša koji nije primao previše folne kiseline biti uglavnom žute boje. Metilne skupine vezane za transpozon na 5'-kraju sprječavaju ekspresiju gena *agouti* bez promjena u njegovoj sekvenci.

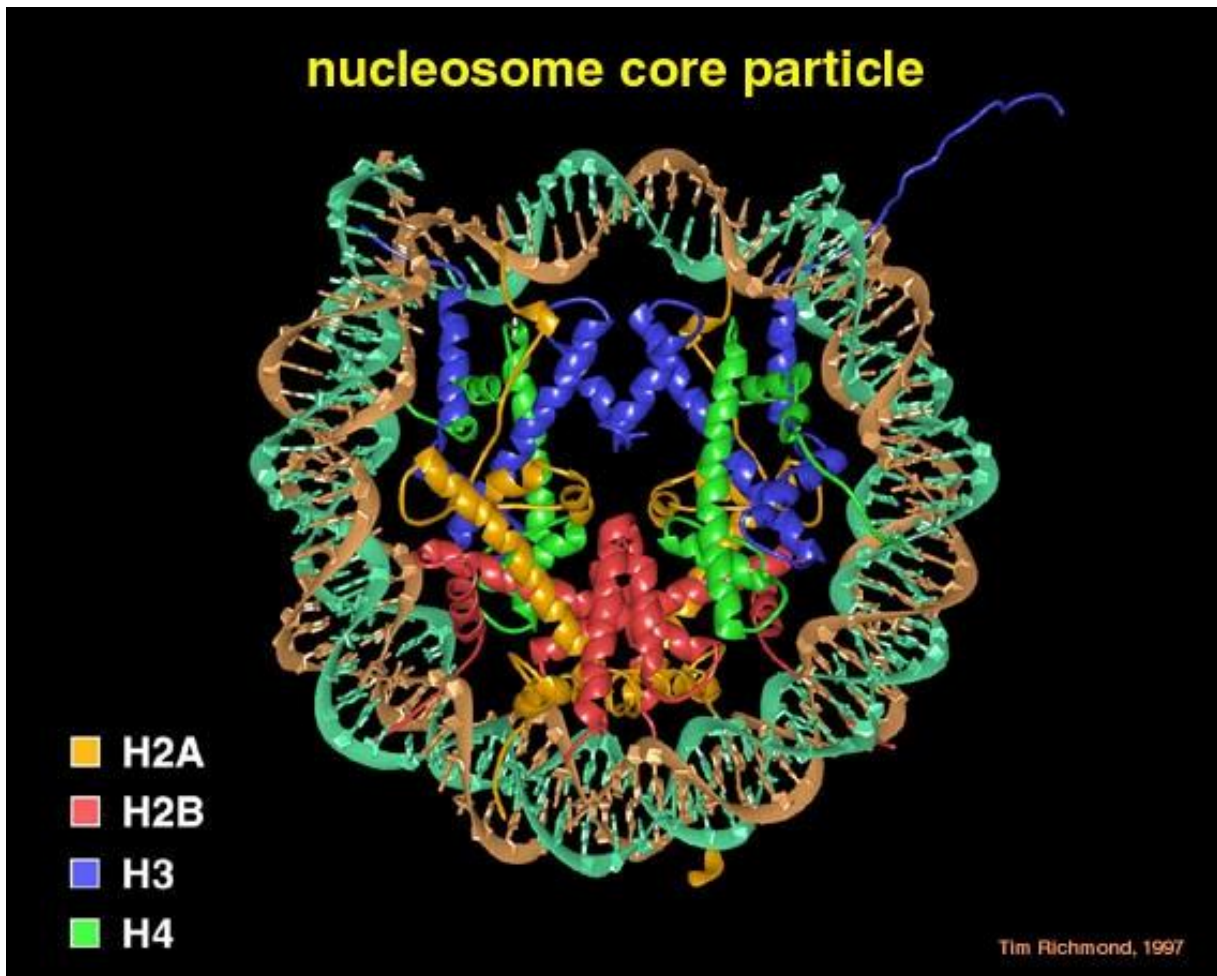
Može li se takvo epigenetsko nasljeđivanje promatrati i kod čovjeka? Odgovor je da. Takvo je promatranje prvi puta provedeno na „majkama Nizozemkama“. Riječ je o grupi žena koje su živjele u Nizozemskoj za vrijeme Drugog svjetskog rata i radile u uvjetima u kojima je vladala glad zbog embarga na uvoz prehrambenih proizvoda i oštre zime. Te su majke rodile djecu relativno sitne građe. Međutim njihovi su unuci također bili sitne građe premda se njihov genom nije mogao „sjećati“ života svojih baka i djedova. Stoga smo iznijeli pretpostavku da je u baka i djedova glad pokrenula epigenetske mehanizme koji su se očuvali kod unučadi. Ta je pretpostavka potvrđena u članku iz 2008. godine u kojem su objavljeni

rezultati proučavanja stupnja metilacije molekule DNA na području IFG2 gena u pojedinaca čije su majke za vrijeme Drugog svjetskog rata tijekom trudnoće bile izložene gladi. Te su rezultate usporedili s onima koje su dobili proučavajući stupanj metilacije u pojedinaca istog spola i koje je rodila ista majka prije vremena gladi. Rezultat je bio jasan: stupanj metilacije IFG2 gena bio je nešto manji u pojedinaca koji su bili pogođeni glađu za vrijeme fetalnog života prije više od 60 godina. Međutim prenošenje te epigenetske promjene na naraštaje koji slijede nakon praunučadi još nije dokazano!

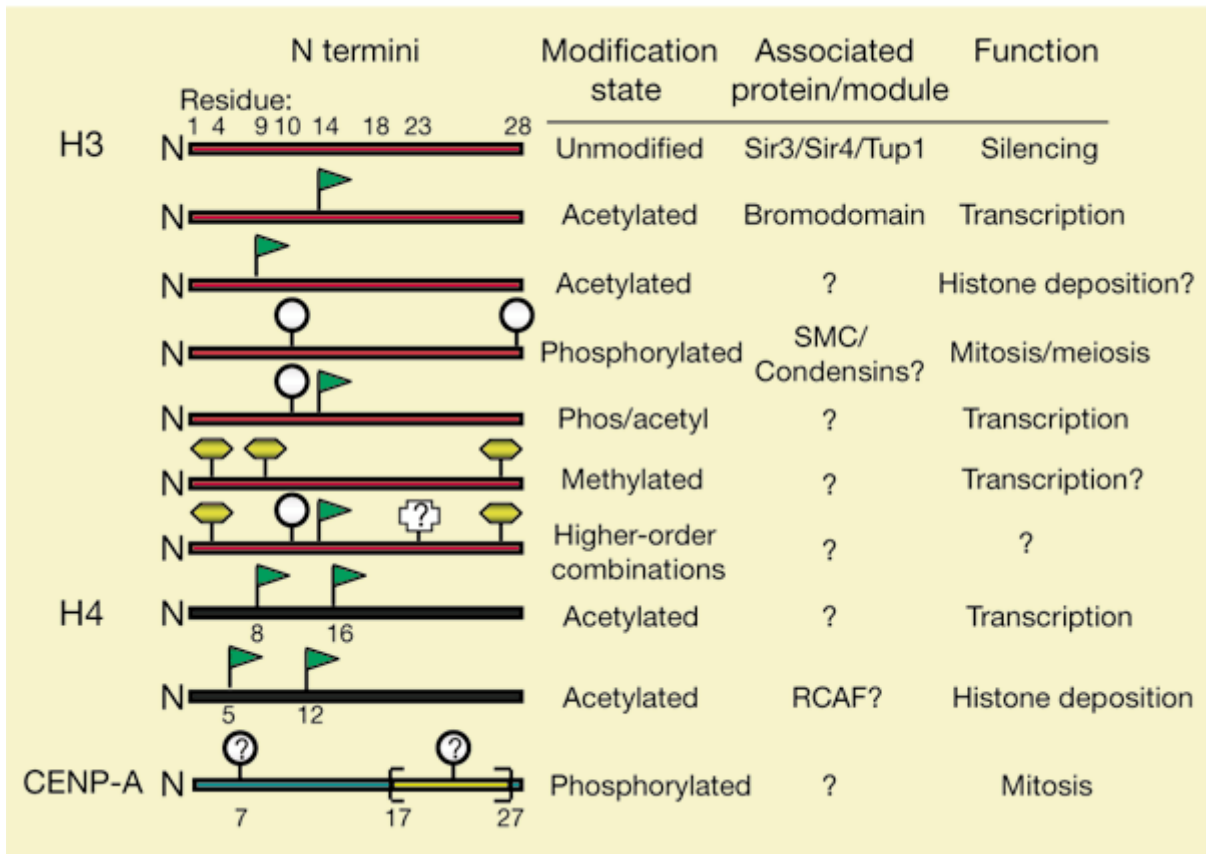
Epigenetika i evolucija

Ovi primjeri nasljeđivanja epigenetske oznake **germinalnom linijom** pokazuju da se modifikacije povezane s okolišem mogu prenijeti na potomstvo. Pitanje je može li se to epigenetsko nasljeđivanje izjednačiti s nasljeđivanjem stečenih svojstava? Prema ovoj teoriji, modifikacije koje je pojedinac stekao na svome tijelu tijekom života prenosi se na potomstvo. Klasičan je primjer žirafa koja je istežala svoj vrat kako bi mogla doseći lišće na visokom drveću i donijela na svijet mladunčad s dužim vratom. U preispitanu Darwinovu modelu objašnjenje klasične genetike je sljedeće: u svakoj generaciji izliježe se nekoliko mutanata žirafa s dužim vratom. One bolje preživljavaju i donose na svijet više potomaka. Prirodnom selekcijom, koju je predložio Darwin, odabiru se slučajne varijacije i omogućava prilagodba populacije. Kako se dakle može objasniti epigenetsko nasljeđivanje i poistovjetiti s Lamarckovim modelom? Povezivanje epigenetskih mehanizama s nasljeđivanjem stečenih svojstava čini se još više pogrešnim. Epigenetika ne uzrokuje nasljeđivanje stečenih svojstava, ali omogućuje promatranje fleksibilnosti u prilagođavanju genoma okolini. Kao i u lamarkizmu, i ovdje naime postoji utjecaj sredine na ekspresiju ili utišavanje gena koji omogućava brzu i povratnu prilagodbu na okolinu. Ta promjena u ekspresiji gena dovodi do onoga što mi zovemo epimutacija koja može biti prenesena samo na nekoliko generacija. Međutim epimutacije se događaju slučajno i nisu izazvane uporabom ili neuporabom organa kako su to Lamarck i Darwin smatrali. Može li međutim epimutacija prijeći u mutaciju? Čini se da je odgovor da zato što su vruće točke mutacije prouzrokovane metilacijom **CG otočica** molekule DNA što može ustaliti nove genotipe bolje prilagođene okolnostima u okolišu, što je sasvim u skladu s Darwinovom prirodnom selekcijom.

Da zaključimo, na pitanje bi li Lamarck mogao imati pravo, prema našim trenutnim spoznajama, skloniji smo reći da ne bi.



Slika 1. Nukleosom: molekula DNA veže se na histonski oktamer koji se sastoji od 2 H2A, 2 H2B, 2 H3 i 2 H4. Prema Luger, K. et al., 1997. Nature 389 : 251-260.



Slika 2. Histonski kod prema Strahl, B. D. i Allis, C. D. (2000) Nature 403 : 41-45.

Epigenetika

Kako funkcionira genom?

Ovo je kraj vladavine DNA! Epigenetika otvara vrata mehanizmima koji izazivaju prenosive i povratne promjene u ekspresiji gena, a ne utječu na sekvencu DNA. Prenosive tih promjena, koje počiva na specifičnom označivanju gena, igra odlučujuću ulogu u razvoju i može se također promatrati tijekom generacija. Kako dolazi do epigenetskih oznaka? Kako utječu na rad i strukturu genoma? Kako se prenose sa **stanice majke** na **stanicu kćeri**? I kako se mogu prenijeti na sljedeće generacije?

Krajem 19.st. Gregor Mendel bilježi svoja zapažanja o križanju različitih svojstava graška, a prema njegovim zaključcima nastaju takozvani Mendelovi zakoni koji objašnjavaju kako se svojstva prenose s generacije na generaciju. James Watson i Francis Crick 1953. godine doprinose razvoju genetike otkrivši strukturu molekule DNA u obliku dvostrančane **zavojnice**, a Sydney Brenner, François Jacob i Matthew Meselson otkrili će molekule **mRNA** koje povezuju DNA i bjelančevine. Međutim iako sve naše stanice nose istu genetsku informaciju, postoji stotinjak vrsta stanica koje imaju različite funkcije i različita svojstva što dokazuje da sekvencija genoma ne može sve objasniti. Očito je da postoji podatak koji se dodaje informaciji koju nose geni, a omogućava različitost genetskih potencijala u različitim tipovima stanica i stabilno se prenosi tijekom generacija kako bi se razvili funkcionalni **organi** i **tkiva** za vrijeme razvoja. To je izvorno tumačenje pojma epigenetike koje je 1940-ih godina predložio škotski embriologist Conrad Waddington, određivši epigenetiku kao vezu između genotipa (ukupnosti svih gena) i fenotipa (ukupnosti izraženih svojstava), a nesavršenost te veze mogu pokazati klonovi. Naime klonirana ovca Dolly nije bila vjerna kopija ovce od koje je nastala. Isto vrijedi i za kloniranu mačku Copycat. Iako su životinje genetički bile identične, razlikovale su se jednim fenotipskim svojstvom – bojom kože. Epigenetika ističe dakle novi pogled na vezu između genotipa i fenotipa. Sve do tada mislilo se da su svojstva koje nasljeđujemo povezane samo s različitim oblicima gena koje su nam roditelji prenijeli. Danas znamo ne samo to da naša svojstva ovise o naslijeđenim genima, već i o epigenetskim oznakama na kromatinu. Ostali elementi kao što su prioni i nekodirajuća RNA (koja ne kodira proteine) također utječu na fenotip. „*Epigenetika je*“, kako je definira Edith Heard, voditeljica Odsjeka za genetiku i razvojnu biologiju na Institutu Curie u Parizu, „*svaka promjena u aktivnosti ili funkcioniranju genoma koja nije povezana s promjenama na sekvenci DNA i*

koja se može naslijediti za vrijeme stanične diobe i mejoze.“ „Osim toga“, dodaje Déborah Bourc'his, voditeljica tima koji se bavi epigenetskim odlukama i reprodukcijom sisavaca na Institutu Curie, „da bi se smatrala epigenetskom, promjena u ekspresiji izazvana nekim signalom mora se zadržati i u stanici majci i stanicama kćerima čak i onda kada početni stimulus nestane.“



Dolly, prva klonirana ovca, 25. veljače 1997.

Kromatin – spoj molekule DNA i proteina

Mejoza – stanična dioba kojom se stvaraju spolne stanice, gamete, radi reprodukcije

Promotor – DNA sekvenca na koju se veže enzim koji započinje

transkripciju gena na molekuli mRNK

Pluripotentnost – sposobnost

proizvodnje svih tipova stanica

Pečati sudbine stanica

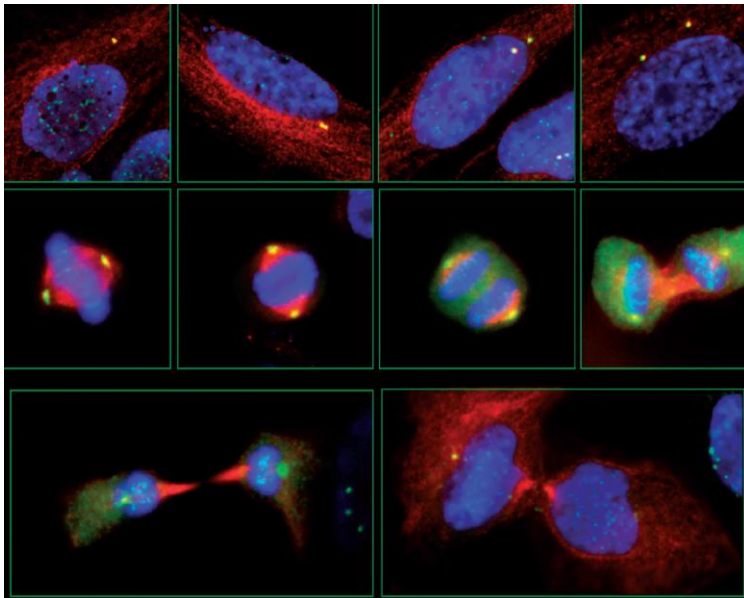
„Na engleskom doslovno kažemo da kromatin 'dolazi s više okusa'“, objašnjava Raphaël Margueron, voditelj tima Atip-Avenir koji se bavi mehanizmima utišavanja polikomb proteinima na Institutu Curie. Okusi kromatina? Okusi kromatina određeni su prisutnošću ili odsutnošću biokemijskih oznaka koje se nalaze na molekuli DNA i na histonima, bjelančevinama oko kojih se namotava molekula DNA. Metilne skupine vezane za promotore ili regulatore aktivnosti gena na molekuli DNA obično utišavaju njihovu ekspresiju. Histoni mogu biti izloženi različitim tipovima modifikacija (acetilaciji, metilaciji, fosforilaciji) koje utječu na zbijanje i dostupnost kromatina. Također ih mogu prepoznati specifični proteini pa tako mogu imati utjecaj na aktivnost vezanih gena (fotografija na str. 26-27). „Epigenetika objašnjava logiku funkcioniranja genoma i, ako postoji domena gdje se epigenetika prije svega primjenjuje, to je stanična diferencijacija tijekom koje se razvijaju različite stanične linije“, naglašava Saadi Khochbin, voditelj Odsjeka za diferencijaciju i staničnu transformaciju na Institutu Albert-Bonniot u Grenobleu. S obzirom na signale koji određuju kako će se stanica razvijati, stanice doživljavaju određenu sudbinu gdje će faktori transkripcije aktivirati ili isključiti određene gene, a epigenetske će oznake učvrstiti i nastaviti te odluke. „Pokusi kojima se pokušava vratiti pluripotentnost diferenciranim stanicama bave se epigenetskim mehanizmima. Ako ih uspijemo otkriti, mogli bismo se vratiti u stadij u kojem

su stanice bile epigenetski „naivne“, nespecijalizirane što se tiče načina genske ekspresije. Poteškoća je u tome što mi nemamo posla samo s nekoliko nezavisnih epigenetskih oznaka, već cijelim sustavom za označivanje koji je još uvijek slabo poznat. Zamislite da odlučimo promijeniti smjer kretanja prometnog pravca, ali promijenimo samo jedan od dva prometna znaka. Sigurno bi došlo do poremećaja! Slično je i s epigenetskim postavljanjem oznaka“, naglašava istraživač iz Grenoblea.

Očuvana metilacija

Danas su znanstvenici upoznati s prirodom određenih molekularnih čimbenika. „Mnogo je oznaka povezanih s kromatinom opisano, ali se ne prenose sve sa stanice majke na stanicu kći. Zaista se za malo njih danas može reći da su epigenetske, odnosno stabilne i nasljedne“, objašnjava Vincent Colot, voditelj istraživanja na Institutu za biologiju (IBENS) u Parizu. Što se tiče metilacije DNA, epigenetski joj je karakter sasvim priznat: na samo da se zna kako se ta oznaka može prenijeti tijekom stanične diobe, već je isto tako poznato i o kojem se molekularnom mehanizmu radi. „Prilikom replikacije molekule DNA, svaki lanac služi kao kalup za sintezu novog lanca. Ako krenemo od stanice majke s oba metilirana lanca, obje stanice kćeri imat će jedan metilirani lanac (potekao od stanice majke) i jedan nemetilirani lanac (novosintetiziran); kaže se da je molekula DNA u stanicama kćerima polovično metilirana. Međutim, postoji enzim metil-transferaza koji je zadužen za očuvanje metilacije, sposoban prepoznati tu informaciju na jednom lancu i kopirati je na drugi“, objašnjava istraživač. Sa svojim timom Colot radi na biljci iz porodice *Arabidopsis thaliana*, biljci čiji je genom u potpunosti sekvenciran. Jedan je od njihovih ciljeva razumjeti kako metilacijske promjene molekule DNA mogu biti potaknute utjecajem okoliša i prenošene tijekom generacija. Naime, šaljući signale, normalan ili nezdrav okoliš u stanju je promijeniti model ekspresije stanice koji se može epigenetski prenijeti. Osim toga, znanstvenici su otkrili nekoliko mehanizama koji omogućuju okolišu da utisne promjene u epigenetsko naslijeđe. „Folati koje apsorbiramo iz hrane dobra su ilustracija“, kaže Claudine Junien, genetičarka iz ekipe Biologija razvoja i reprodukcije na Nacionalnom institutu za agronomsko istraživanje u Jouy-en-Josas i predsjednica DOHaD-a, udruge koja se bavi razvojnim podrijetlom zdravlja i njegovim posljedicama. „Oni služe kao substrati za enzime metil-transferaze i tako donose stanicu potrebne metilne skupine kako bi se procesi metilacije i demetilacije pravilno odvijali. Stoga su iznimno važni, osobito tijekom trudnoće; u slučaju njihova pomanjkanja, embrionalni razvoj mogao bi se usporiti.“ Nešto još značajnije pokazao je Oliver Rando s

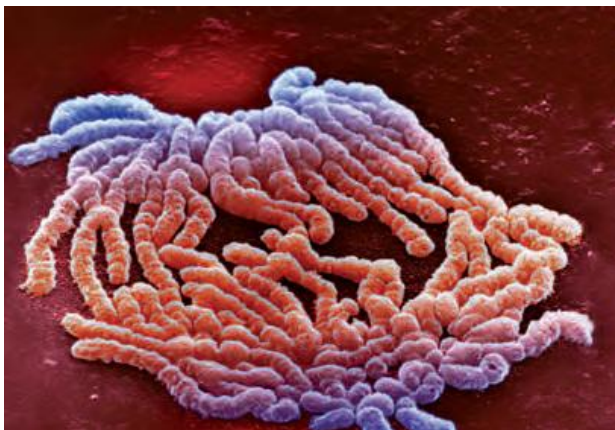
Medicinske škole Sveučilišta u Massachusettsu: na miševima je pokazao kako je očeva prehrana imala utjecaj na potomstvo. Dvije grupe mužjaka hranom su unosile različite količine proteina. U jetri mišića čiji su očevi primali male količine proteina, autori su primijetili povećanu ekspresiju gena zaduženih za biosintezu lipida i kolesterola. Epigenetska istraživanja jetre pokazala su brojne metilacijske promjene na molekuli DNA s obzirom na prehranu očeva.



Folati – također poznati pod imenom folna kiselina ili vitamin B9, hidrosolubni su spojevi bogati metilnim skupinama i ključni u sintezi nukleinskih kiselina

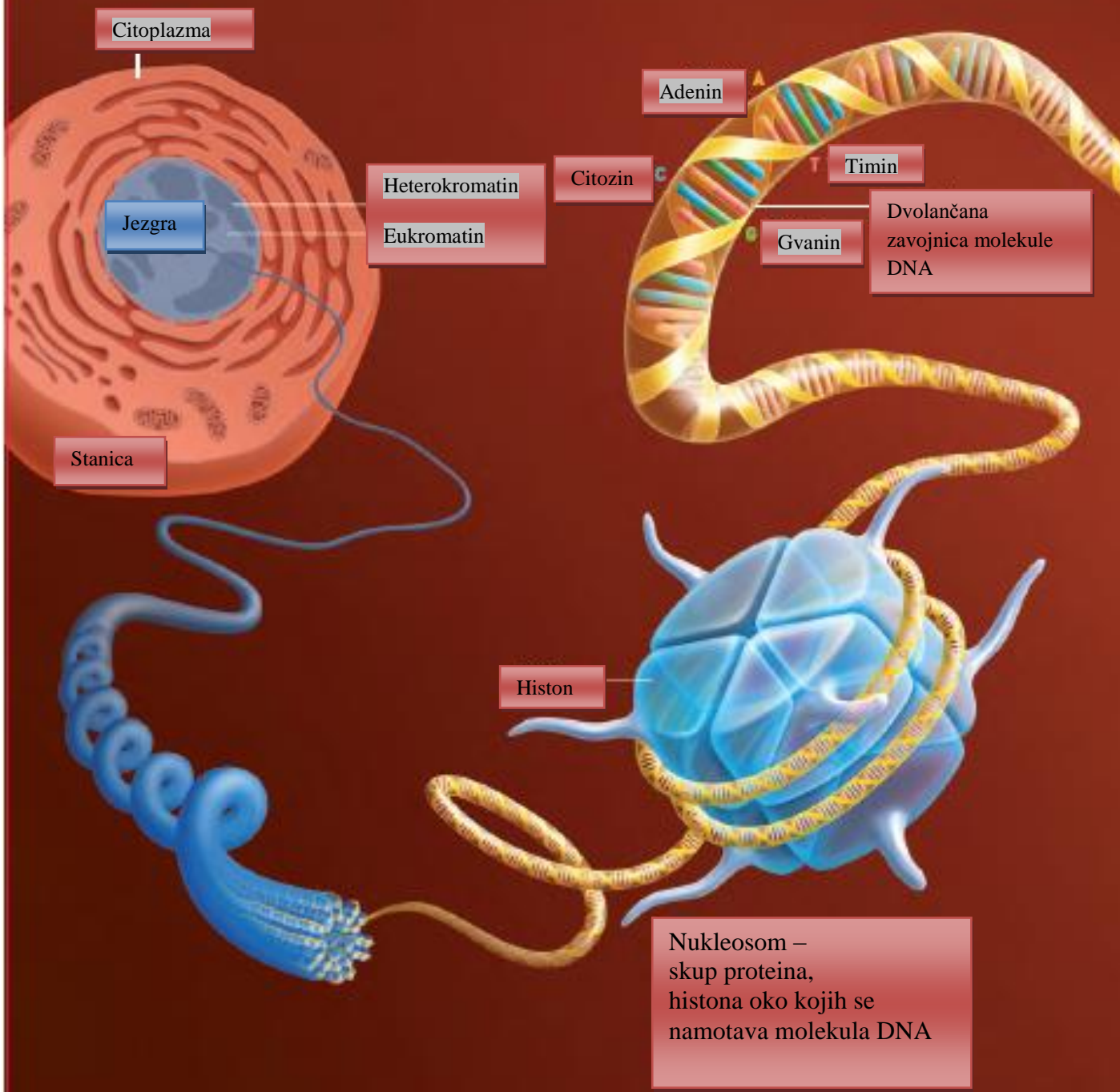
Supstrat – molekula koja se transformira nakon vezivanja enzima

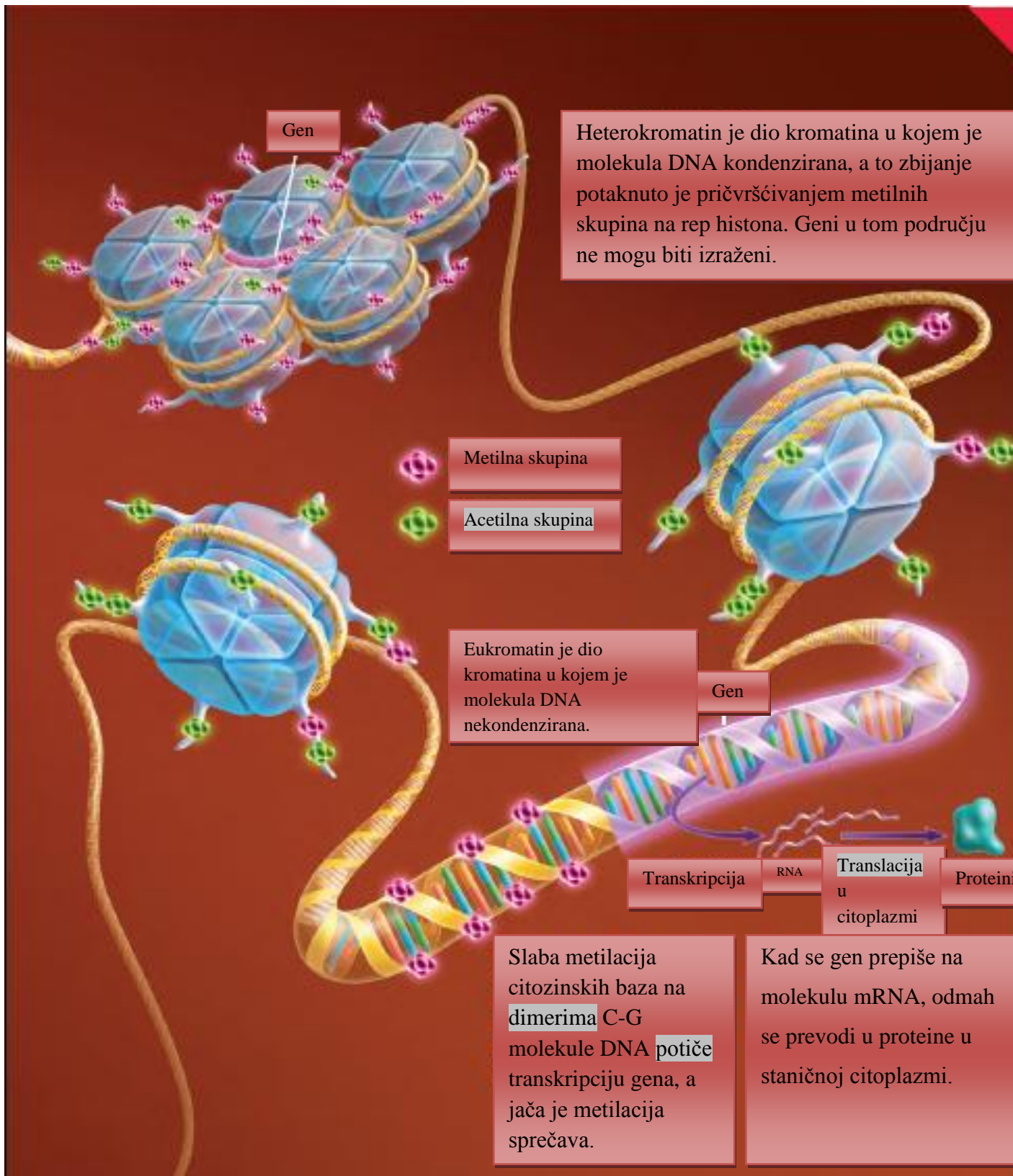
Metilacija molekule DNA čuva se za vrijeme stanične diobe čije su etape ovdje prikazane. Promatranje pod optičkim mikroskopom s trostrukim označavanjem uz pomoć imunoflorescencije omogućuje vizualizaciju centrosoma koji vode kromosome uzduž mikrotubula diobenog vretena.



Odvajanje kromosoma za vrijeme stvaranja gemeta.

Metilacija molekule DNA i histona utječe na ekspresiju gena





Gen

Heterokromatin je dio kromatina u kojem je molekula DNA kondenzirana, a to zbivanje potaknuto je pričvršćivanjem metilnih skupina na rep histona. Geni u tom području ne mogu biti izraženi.

Metilna skupina

Acetilna skupina

Eukromatin je dio kromatina u kojem je molekula DNA nekondenzirana.

Gen

Transkripcija

RNA

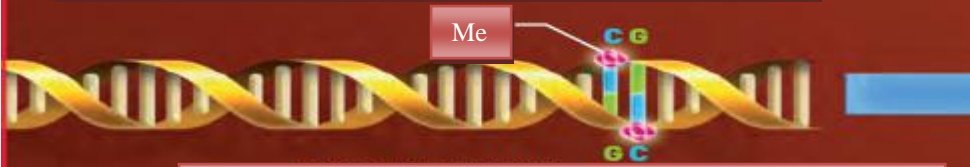
Translacija u citoplazmi

Protein

Slaba metilacija citozinskih baza na dimerima C-G molekule DNA potiče transkripciju gena, a jača je metilacija sprečava.

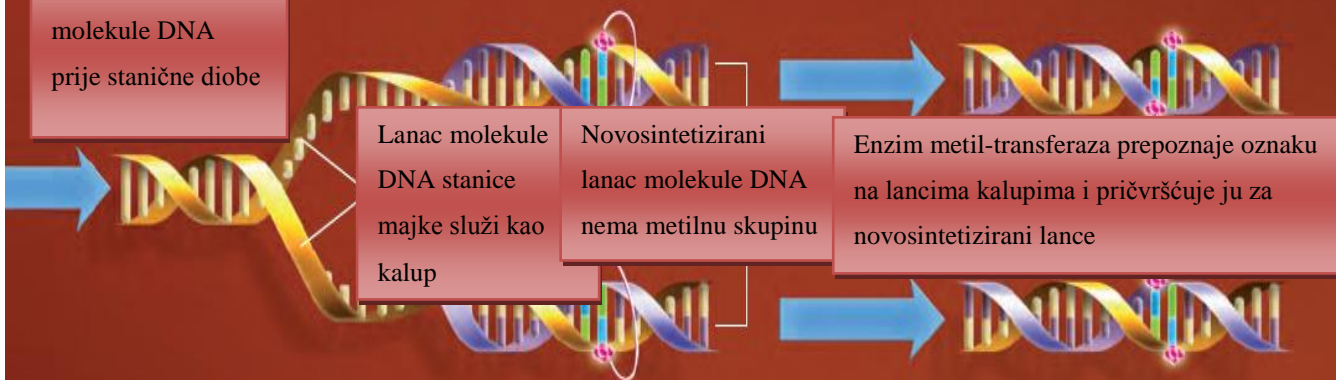
Kad se gen prepíše na molekulu mRNA, odmah se prevodi u proteine u staničnoj citoplazmi.

Kako se čuva metilacija molekule DNA



Dvolančana molekula DNA nosilac je metilne skupine (Me) na nukleotidu citozinu (C)

Replikacija
molekule DNA
prije stanične diobe





Priprema uruĉnjaka, *A. Thaliana*, genetski modificirane biljke koja sluŹi kao model za istraŹivanje epigenetske regulacije

Malo povijesti

350. pr. Kr.



Aristotel osmišljava termin epigeneza što znaĉi „iznad generacije“. Dok promatra pileće embrije, shvaća da oblici pojedinaca ne pretpostoje u zametku, već se stjeĉu za vrijeme embrionalnog razvoja. Njegova je intuicija premonitorna...

1949.



Engleski genetiĉar Conrad Waddington prvi upotrebljava rijeĉ epigenetika baveći se odnosom izmeĉu genotipa i fenotipa.

Meĉutim, u to se vrijeme nije znalo da je molekula DNA nositelj naslijeĉa.



1965.

François Jacob, Jacques Monod i André Lwoff primaju Nobelovu nagradu za svoja istraživanja.

Struktura gena i mehanizmi njihove regulacije polako se otkrivaju i pokazuju u E. coli utjecaj laktoze na kontrolu ekspresije gena i njezina utjecaja na vidljive značajke organizma. Okolišni čimbenik dakle može utjecati na fenotip!

1980.

Australac Robin Holliday u kulturi stanica promatra promjene u svojstvima koje su bile prenesene tijekom stanične diobe, a ne uključuju mutacije na sekvenci nukleotida. Opisuje metilaciju molekule DNA kao potencijalni epigenetski mehanizam.

© JANE GITTSCHIER



2007.

Britanski genetičar Adrian Bird predlaže sljedeću definiciju: „Epigenetski su

događaji prilagodbe kromosomskih regionalnih struktura radi pohranjivanja, signaliziranja i nastavljanja izmijenjenih oblika aktivnosti.“

Tijekom generacija

A što se tiče čovjeka? Imaju li i navike roditelja utjecaj na epigenetsko naslijeđe i zdravlje njihove djece? Istraživanje koje se provodilo 2005. na Sveučilištu u Umei u Švedskoj, bavilo se stanovnicima sela u kojem se količina prinosa od kraja 18. do početka 19. st. pažljivo bilježila. Čini se da je prehrana djedova čiji su prinosi bili dobri (obilna prehrana) i onih čiji su prinosi bili slabi (slaba prehrana) imala utjecaj na zdravlje njihove unučadi. S jedne se strane pothranjenost djedova povezuje s četiri puta većim rizikom od smrti kao posljedicom

dijabetesa nego u ostaloj populaciji. S druge strane, preobilna prehrana djedova izaziva na dvjema generacijama smanjenje očekivanog trajanja života, u prosjeku od šest godina u odnosu na djecu i unučad djedova čiji su prinosi bili slabi.

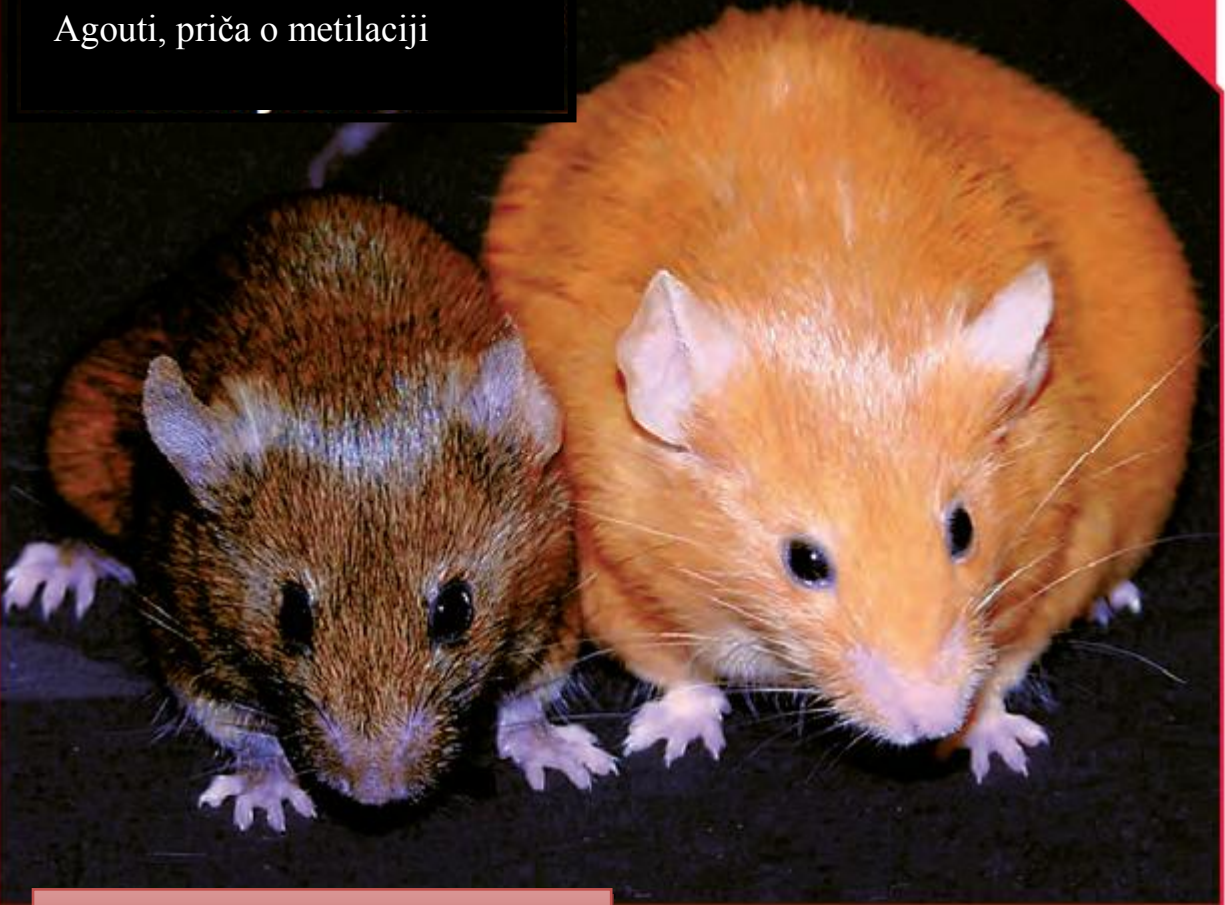
Nije samo prehrana ono što može loše utjecati na nekoliko generacija: stres koji pojedinac doživljava također može negativno utjecati na psihičko zdravlje njegovih potomaka. U štakora istraživači su se usmjerili na utjecaj majčinske skrbi. Utvrđeno je da osjetljivost mladih na stres u odrasloj dobi ovisi o tome jesu li se majke dobro brinule o njima ili nisu. Smatra se da mladi o kojima se majka dobro brinula izlučuju hormon serotonin u većoj mjeri nego oni koji su bili zanemareni. Serotonin tako može potaknuti niz signala koji bi mogli kulminirati epigenetskim modifikacijama gena povezanim sa sklonosti stresu. „*Sve te epigenetske modifikacije potaknute su unaprijed određenim shemama u genima*“, kaže Saadi Khochbin. Ali kad se pojave **okolišni čimbenici** kao što su loša prehrana ili stres, sheme se prilagođavaju. „*Kada radnici grade neku građevinu, iako imaju arhitektonski nacrt, svejedno će napraviti potrebne preinake pri izvođenju radova ako se pojave neke nepredviđenosti. Isto tako funkcionira i epigenetika: zahtjev za stabilnošću koji osigurava odvijanje temeljnih planova, supostoji s određenom podatljivošću koja omogućuje reorganizaciju stvari ako je to potrebno*“, objašnjava istraživač. Znakovi koji reguliraju gene povezane s izmjenom dana i noći također su u osnovi promjenjivi: laviraju između dviju mogućnosti svaka 24 sata kako bi aktivirali/**deaktivirali** gene koji upravljaju metabolizmom šećera i masnih kiselina... Isto tako i okoliš može modificirati plan funkcioniranja genoma.

Agouti primjer

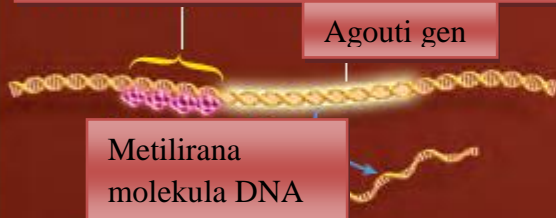
Istraživanja na agouti miševima pridonijela su razumijevanju načina na koji se epigenetske oznake prenose s roditelja na djecu. Uzmimo jednu grupu miševa koji imaju isti genotip odgovoran za boju krzna. Unatoč tome neki će imati krzno aguti boje (išarano smeđe), a drugi žute boje. Posebnost potonjih bila je podložnost gojaznosti, dijabetesu i raku. Što je odgovorno za to? Nije genetska mutacija, nego metilacijsko stanje male sekvence koja se nalazila u blizini gena odgovornog za boju: u metiliranom stanju aguti gen je utišan pa je koža smeđa, a u **demetiliranom** stanju gen će bit aktivan, a koža žute boje. „*Ako majka ima metiliranu sekvencu, u potomstvu se primjećuje veći broj onih koji imaju metiliranu sekvencu i smeđe krzno. Možemo dakle s pravom zaključiti kako epigenetska oznaka, metilacija sekvence, može prijeći na buduće generacije*“, kaže Claudine Junien. Omogućujući jedan prijenos na svakih 10, 15, 100 dijeljenja, prema riječima Vincenta Colota, mehanizam je isti

kao i onaj koji omogućuje očuvanje metilacije pri stvaranju stanice kćeri. „*Ako te metilacije pogode spolne stanice, spermatozoide ili jajne stanice, one se mogu izravno prenijeti na potomstvo istim procesom*“, objašnjava Vincent Colot. Specijalist i njegovi kolege otkrili su da se u biljaka te oznake lako prenose na buduće generacije. Nakon što su stvorili skupinu epigenetski rekombinantnih linija Arabidopsis (nazvanih epiRILS), istraživači IBENS-a mogli su tako pokazati nasljednost nekoliko svojstava koji ovise o epigenetici kao što su vrijeme cvjetanja ili visina biljaka.

Agouti, priča o metilaciji



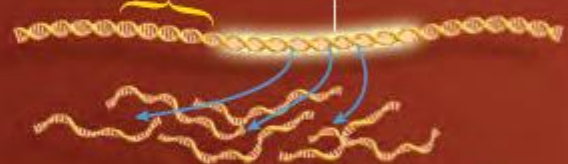
Područje molekule DNA u blizini agouti gena koji može biti metiliran



Neke molekule mRNA brzo se prepisuju za vrijeme embrionalnog razvoja. Nakon toga gen je utišan čitavog života miša. Miš ima smeđe krzno i dobra je zdravlja.

Nemetilirana DNA

Agouti gen



Agouti gen neprestano je aktivan, brojne se molekule mRNA proizvode za vrijeme života miša. Miš ima žuto krzno, debeo je i podložan oboljenju od dijabetesa tipa 2.

Muške zaštićene gamete

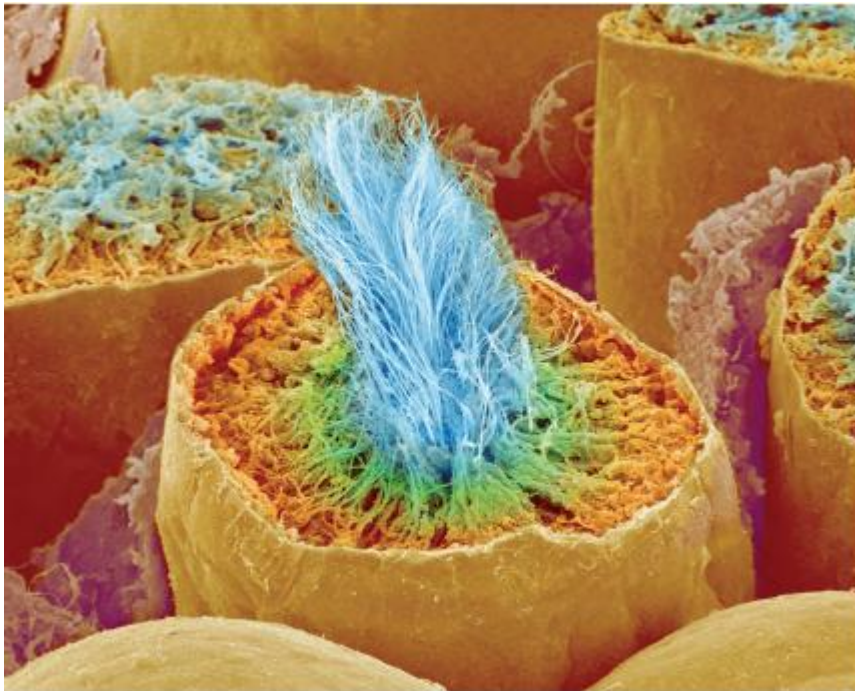
Nasljedne stanice u užem smislu riječi, gamete, u središtu su epigenetskih istraživanja. „Okarakterizirati njihovo epigenetsko naslijeđe važno je i za razumijevanje identiteta spolnih stanica i načina na koji one štite nasljedni materijal, ali isto tako i za razumijevanje mjere u kojoj se to epigenetsko naslijeđe može prenijeti na iduću generaciju“, objašnjava Déborah Bourc'his. Specifičnost spermatozoida i jajnih stanica u tome je što su one krajnje diferencirane kako bi se osigurao proces oplodnje, a istovremeno moraju sačuvati jedan dio pluripotentnosti koji će omogućiti zametku da generira sve tipove stanica.

Muške gamete najbolje pokazuju tu neobičnu dvostruku karakteristiku. „U usporedbi sa ženskim gametama, muške gamete moraju putovati i izaći iz organizma. To je jedinstvena situacija jer su stanice obično programirane tako da funkcioniraju unutar organizma. U takvim okolnostima te stanice trpe važne transformacije kako bi se genom prenio na siguran način, sačuvao od mutacija ili oštećenja“, objašnjava Saadi Khochbin. Stoga se za vrijeme spermatogeneze histoni oko kojih se omata molekula DNA zamjenjuju proteinima manjih dimenzija, protaminima, kako bi genom bio još zbijeniji.

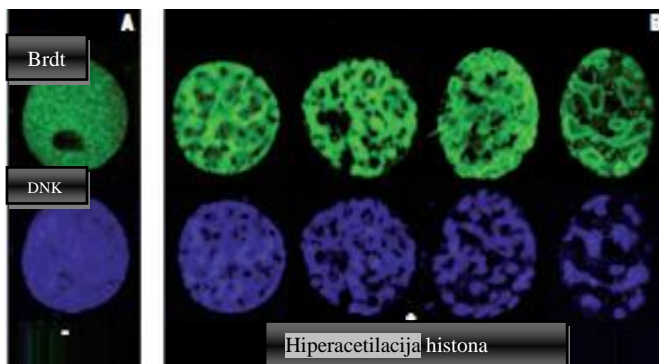
„Kao što objašnjava logiku funkcioniranja genoma za vrijeme stanične diferencijacije, tako i u ovom slučaju epigenetika objašnjava logiku koja odlučuje kako proizvesti otporno pakovanje. Zamislite da selitelj mora uzeti vrijedan paket: pitanje je kako će ga zapakirati, smjestiti, prevesti.“ dodaje istraživač. Znanstvenici s Instituta Albert-Bonniot pronašli su važan element za odgonetavanje mehanizama koji se nazivaju postmejotičkim programiranjem muškoga genoma: protein Brdt (dvostruki bromodomain protein). „Kao što se brava slaže s ključem, Brdt prepoznaje specifične modifikacije histona kad su hiperacetilirani. To stanje prevladava neposredno prije nego što se dogodi zamjena histona protaminima. Brdt je zapravo molekula koja omogućuje tu zamjenu“, objašnjava Saadi Khochbin, čiji je tim nedavno objavio rezultate ovih istraživanja.

„Spermatozoidi i jajne stanice kao reproduktivne stanice prenose na potomstvo genetsku uputu, ali i epigenetsku“, kaže Déborah Bourc'his. „Velik dio te epigenetske informacije naslijeđene roditeljskim gametama izdrži tek nekoliko staničnih diobi u embriju nakon oplodnje. To brisanje gametskog identiteta važno je kako bi embrij stekao sposobnost pluripotentnosti.“ Štoviše, to je isti mehanizam kao i onaj koji se odvija u pokusima umjetno potaknute reprogramacije: u tom se slučaju odrasloj diferenciranoj stanici nameće povratak naivnom epigenetskom stanju, pluripotentnom, bilo prijenosom u jajnu stanicu bilo prisiljenom ekspresijom koktela čimbenika pluripotentnosti, kao što je slučaj s induciranim

pluripotentnim **matičnim stanicama** (iPS). Ta su istraživanja nagrađena Nobelom za medicinu 2012.



Za vrijeme proizvodnje spermatozoida (plavo) u **seminiferim tubulima** (narančasto), njihova DNA je zbijena radi boljeg transporta.



Nakon acetilacije histona, Brdt (zeleno) potiče zbijanje DNA (plavo) u muškim gametama.

Roditeljski otisak

Val brisanja nakon oplodnje omogućava obnovu pluripotencnosti, ali uz to i ograničava mogući prijenos epigenetskih stanja između generacija. To se ne događa u biljaka jer se one ne podvrgavaju tom reprogramiranju. Međutim, u sisavaca i osobito u čovjeka, postoji šačica gena koji čine iznimku tako što čuvaju metilirano stanje naslijeđeno roditeljskim gametama i to čitavog života. Osim toga, asimetrično su označeni u jajnoj stanici i spermatozoidu stvarajući tako nejednakosti u ekspresiji tih gena na materinskim ili očinskim kromosomima.

Riječ je o fenomenu roditeljskog otiska koji zahtijeva seksualnu reprodukciju u sisavaca. „Oocita ima dominantnu ulogu u procesu roditeljskog otiska jer ona kontrolira metilaciju i odlučuje koja će roditeljska kopija većine gena biti izražena. Taj proces na zanimljiv način kontrolira biološke putove važne za uspostavljanje veza između majke i mladunčeta prije i nakon rođenja“, naglašava Déborah Bourc'his, koja je sa svojim timom objavila rezultate istraživanja o mehanizama koji su povezani s roditeljskim otiskom i s popisivanjem gena označenih tim roditeljskim pečatom.

Može li taj tip sekvenca poslužiti kao kalup za transgeneracijsko epigenetsko nasljeđivanje? „Ne može jer se to prenošenje ograničava na samo jednu generaciju: metilacijske oznake poništavaju se u pretečama gameta nove jedinke kako bi se omogućilo ponovno otiskivanje s obzirom na spol, to jest materinski otisak u jajnoj stanici i očinski otisak u spermatozoidu.“ Za razliku od toga, istraživači su u miša otkrili sekvence čija je metilacija posebna po tome što se nikada ne može izbrisati, ni u embriju nakon oplodnje ni u pretečama gameta. Radi se o pokretnim parazitskim sekvencama molekule DNA koje su osobito agresivne i specifične u genomu miša čija ekspresija i premještanje može rascjepkati genom. Budući da metilacija utišava te transpozone, ona igra ključnu obrambenu ulogu u očuvanju cjelovitosti genetičkog materijala i to u svim tipovima stanica i tijekom cijeloga života. „Mogli bismo pretpostaviti da taj tip sekvenca može poslužiti kao podrška transgeneracijskim epigenetičkim prijenosima... Međutim iako su transpozoni također važna sastavnica ljudskog genoma, postojanje takvih sekvenca koje se ne mogu epigenetički poremetiti nije još utvrđeno zbog čega ne postoji ni jedan jasan dokaz za fenomen roditeljskog otiska“, objašnjava istraživačica.

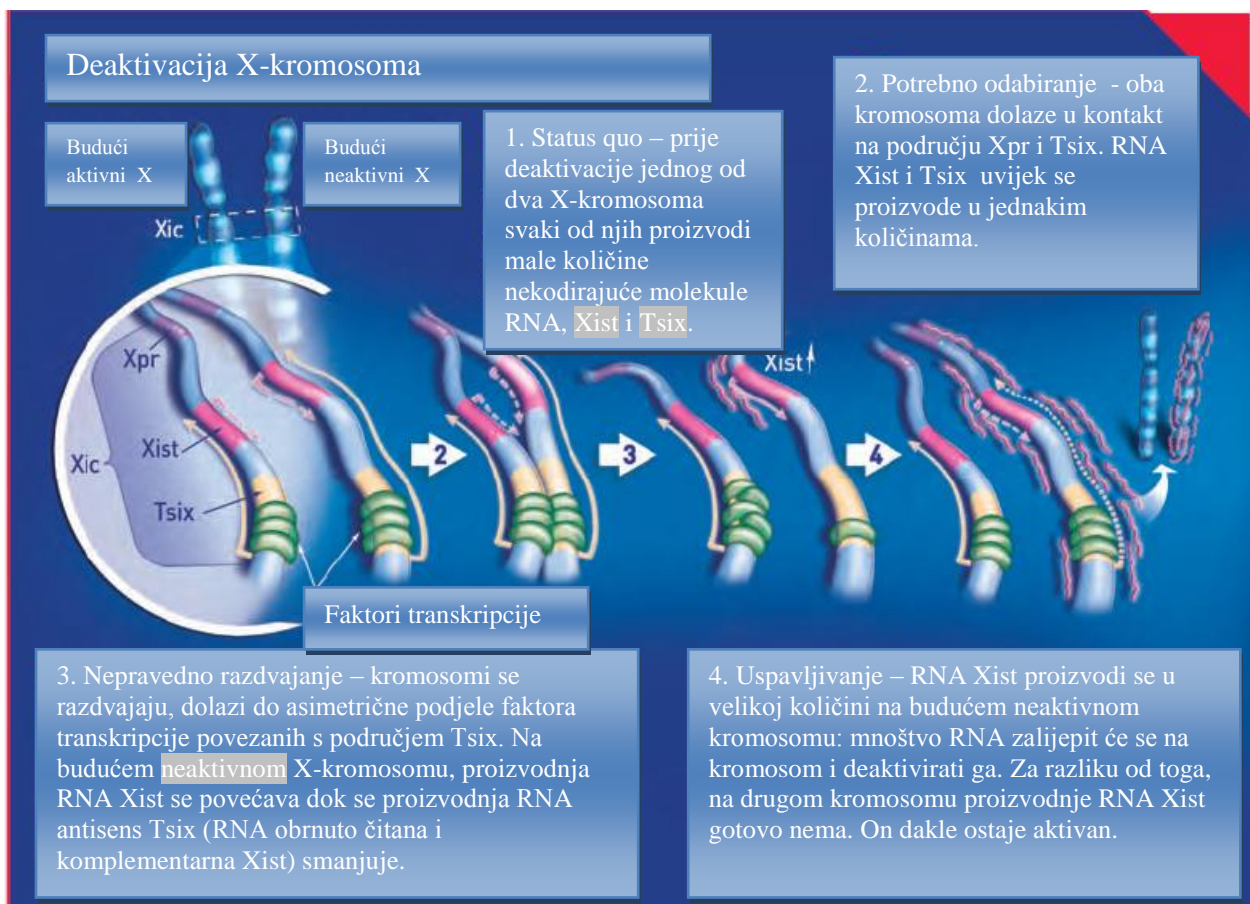


Samo određene epigenetske oznake gameta zadržavaju se tijekom nekoliko staničnih dioba nakon začeća.

Deaktivirani X

Drugi epigenetski fenomen tiče se deaktivacije X-kromosoma u ženki sisavaca. Za razliku od stanica mužjaka sisavaca (XY), stanice ženki imaju dva X-kromosoma, a jedan od njih mora biti utišan kako bi se zaustavilo čitanje genetičkih informacija. Što je tome razlog? „*Mušjaci imaju samo jedan X-kromosom. Ženke imaju dva. Ako se oba kromosoma za vrijeme razvoja nastave izražavati, embrij ubrzo umire jer je dvostruka doza proteina koju proizvode aktivni X-kromosomi smrtonosna. Kako bi doza bila ista u oba spola, jedan od dva X-kromosoma u ženki treba se utišati*“, objašnjava Edith Heard. Taj se fenomen odvija tijekom ranoga razvoja, a kasnije se utišano stanje kromosoma stabilno prenosi za vrijeme staničnih dioba. „*To je jedan od zapanjujućih primjera epigenetike koji se odvijaju u sisavaca: jedan se cijeli kromosom tretira na različit način u istoj jezgri i taj se tretman, čvrsto čuvan u tjelesnim stanicama, u germinalnim linijama u potpunosti mijenja*“, naglašava specijalistica. Na početku deaktivacija zahvaća nasumce ili materinski ili očinski X-kromosom u svakoj stanici ženskog ranog embrija. Tako su ženke sisavaca građene od mozaičnih stanica od kojih svaka izražava bilo očinski bilo majčinski X-kromosom. Zato u slučaju mutacije povezane s tim kromosomom, uzrok mnogih bolesti (mentalne retardacije, hemofilije, distrofije, itd.) s obzirom na postotak stanica u kojima je aktivni X mutiran, ženke će imati više ili manje blagi

fenotip, za razliku od njihovih sinova koji su nositelji te mutacije. Oni su osobito pogođeni jer imaju samo jedan X, stoga su sve njihove stanice zahvaćene. „Napredak u poznavanju epigenetike jednako je uzbudljiv kao i složen. Izazov je sačuvati određenu postojanost tijekom cijeloga života kako bi stanica srca ostala stanica srca. Ali u isto vrijeme epigenetika mora omogućiti u trenutku razvoja važnu prilagodljivost kako bi svaka stanica našla svoje mjesto i specifičnu funkciju“, rezimira Raphaël Margueron. Ta mješavina postojanosti i prilagodljivosti daleko je od onoga što nam je do sada u genetici poznato. „Genetika je neelastična: nukleinske se informacije ne mijenjaju mnogo, a kad ipak dođe do modifikacije, ne može se vratiti na staro. Što se tiče epigenetike, promjene su brojne i reverzibilne! To ulijeva nadu da će se razviti terapije. Međutim uvijek je teško okarakterizirati neku promjenu epigenetskom i povezati je na primjer s pojavom bolesti. Je li neka modifikacija zaista uzrok određene bolesti, ili je dio normalne prilagodljivosti?“, pita se istraživač. Malo je reći da razumijevanje zakona koji upravljaju epigenetikom još uvijek ostaje široko područje istraživanja.



3.2. Glossaire français – croate

A

acétilé, adj. – acetiliran

acétylation, n. f. – acetilacija

acide aminé, n. m. – aminokiselina

acide nucléique, n. m. – nukleinska kiselina

actif, adj. – aktivan

activateur transcriptionnel, n. m. – transkripcijski aktivator

activation, n. f. – aktivacija

activer, v. – aktivirati

activité, n. f. – aktivnost

adénine (A), n. f. – adenin

ADN (acide désoxyribonucléique), n. m. – DNA (deoksiribonukleinska kiselina)

ADN méthyl transférase, n. f. – DNA metiltransferaza

ADP-ribosylation, n. f. – ADP ribozilacija

allèle, n.m. – alel

allumé, adj. – uključen

allumer, v. – uključiti

arginine, n. f. – ariginin

ARN (acide ribonucléique), n. m. – RNA (ribonukleinska kiselina)

ARN non codant, n.m. – nekodirajuća RNA

ARNm (ARN messenger), n. m. – mRNA (eng. messenger RNA)

autosome, n.m. – autosom

B

base, n. f. – (dušićna) baza

biallélique, adj. – bialeličan

biologie, n. f. – biologija

biotinylation, n. f. – biotinilacija

Brdt (double bromodomaine protéine) – protein Brdt

brin, n. m. – lanac

C

CAF-1 (eng. chromatin assembly factor 1) – šaperon CAF -1

caractère, n. m. – svojstvo

caractères acquis, n.m. pl. – stečena svojstva

cellule, n.f. – stanica

cellule fille, n.f. – stanica kći

cellule mère, n. f. – stanica majka

cellule reproductrice (sexuelle), n. f. – reproduktivna (spolna) stanica

cellule somatique, n.f. – tjelesna stanica

cellules souches, n. f. pl. – matične stanice

centre d'inactivation (de l'X) (Xic), n.m. – centar deaktivacije (kromosoma X)

centromère, n. f. – centromera

centrosome, n.m. – centrosom

chaperon, n.m. – šaperon

chromatine, n. f. – kromatin

chromosome, n.m. – kromosom

chromosome X – X-kromosom

chromosome Xm – majčin X-kromosom

chromosome Xp – očev X-kromosom

citrulline, n. f. – citrulin

code épigénétique, n.m. – epigenetski kod

code génétique, n.m. – genetski kod

code histone, n.m. – histonski kod

contrôle, n.m. – kontrola

contrôle épigénétique, n.m. – epigenetska kontrola

CREB (eng. cAMP response element-binding protein) – transkripcijski aktivator CREB

croisement, n. m. – križanje

C-terminale, n. f. – C-terminalni kraj

cycle cellulaire, n. m. – stanični ciklus

cytoplasme, n. m. – citoplazma

cytosine (C), n. f. – citozin

D

délétion, n. f. – delecija

déméthylation, n. f. – demetilacija

déméthylé, adj. – demetiliran

déméthyliser, v. – demetilirati

désactiver, v. – deaktivirati

désamination, n. f. – dezaminacija

descendance, n. f. – potomstvo

désimination, n.f. – deiminacija

développement embryonnaire, n.m. – embrionni razvoj

différenciation cellulaire, n. f. – stanična diferencijacija

dimère, n. m. – dimer

dimérisation, n. f. – dimerizacija

dinucléotide, n.m. – dinukleotid

division cellulaire, n. f. – stanična dioba

doigt de zinc, n.m. – cinkov prst

domaine de liaison à ADN, n. m. – DNA-vezno mjesto

domaine histone-fold, n. m. – domena histonskog namatanja

double-hélice, n. f. – dvostruka zavojnica

E

effet de position, n. m. – efekt pozicije

embryogenèse, n. f. – embriogeneza

embryon, n. m. – embrij

empreinte parentale (génomique), n.f. – roditeljski ili genomski otisak

 empreinte paternelle, n. f. – očinski otisak

 empreinte maternelle, n. f. – materinski otisak

environnement, n. m. – okoliš

enzyme, n. f. – enzim

épigenèse, n. f. – epigeneza

épigénétique, n. f. – epigenetika

épigénome, n. m. – epigenom

épimutation, n. f. – epimutacija

éteindre, v. – isključiti, utišati

éteint, adj. – utišan

être vivant, n. m. – živo biće

eucaryotes, n. m. pl. – eukarioti

euchromatine, n. f. – eukromatin

évolution, n.f. – evolucija

exon, n. m. – ekson

expression, n. f. – ekspresija

expression génique, n. f. – genska ekspresija

exprimé, adj. - izražen

extrémité aminoterninale, n. f. – aminoterminalni kraj

extrémité carboxyterminale, n. f. – karboksi terminalni kraj

F

facteur d'assemblage, n. m. – grupirajući faktori

facteur de transcription, n. m. – transkripcijski činitelji

facteurs environnementaux, n. pl. – okolišni čimbenici

favoriser, v. – poticati

fécondation, n. f. – oplodnja

fuseau mitotique, n. m. – diobeno vreteno

G

gamète, n. m. – gameta

gamétogénèse, n. f. – gametogeneza

gène, n.m. – gen

génération, n. f. – generacija

généticien, n. m. – genetičar

génétiqne, n. f. – genetika

génétiqne formelle, n. f. – klasična genetika

génomne, n. m. – genom

génomne nucléaire, n. m. – nuklearni genom

génotype, n. m. – genotip

glycosylation, n. f. – glikozilacija

grand sillon, n. m. – glavni žlijeb

groupement chimique, n. m. – kemijska skupina

groupement acétyle, n. m. – acetilna skupina

groupement méthyle, n. m. – metilna skupina

guanine (G), n. f. - gvanin

H

haploïdisation, n. f. – haploidizacija

HAT (histone acétyltransférase), n. f. – HAT (histonska acetiltransferaza)

HDAC (histone désacétylase), n. f. – HDAC (histonska deacetilaza)

hélice, n. f. –zavojnica

hélice α , n. f. – alfa zavojnica

hélice-tour-hélice, n. f. – HTH motiv

hérédité, n. f. – nasljeđivanje; nasljeđe

hérédité des caractères acquis, n. f. – nasljeđivanje stečenih svojstava

hérédité épigénétique, n. f. – epigenetsko nasljeđivanje

hérédité mendalienne, n. f. – mendelovsko nasljeđivanje

hétérochromatine, n. f. – heterokromatin

hétérozygote, adj. – heterozigotan

hétérozygote, n. m. – heterozigot

HIRA (eng. histone regulating protein A) – šaperon HIRA

histone, n. f. – histon

histone H1 – histon H1

histone H2A – histon H2A

histone H2A.1

histone H2A.2

histone H2A.X

histone H2A.Z

histone H2A-Bbd

histone macro H2A

histone H2B – histon H2B

histone H2B.1

histone H2B.2

histone TSH2B

histone H3 – histon H3

histone H3.1

histone H3.2

histone H3.3

histone CENP-A

histone H4 – histon H4

histone de remplacement, n. f. – zamjenski histon

histone majeure, n. f – glavni histon

HMT (histone méthyltransférase), n. f. – HMT (histonska metiltransferaza)

homozygote, adj. – homozigotan

HP1 (eng. heterochromatin protein 1) – protein HP1

hyperacétylation, n.f. – hiperacetilacija

hyperacétylé, adj. – hiperacetiliran

hypométhylé, adj. – hipometiliran

I

îlots CG, n. m. pl. - CG otočići

inactif, adj. – neaktivan

inactivation, n. f. – deaktivacija

inactivation du chromosome X, n. m. – deaktivacija X-kromosoma

inactivé, adj. – deaktiviran

inactiver – deaktivirati

information épigénétique, n. f. – epigenetska informacija

information génétique, n. f. – genetska informacija

inhiber, v. – sprječavati

K

Kaiso, n. m. – protein Kaiso

kinétochore, n. m. – pričvrtnica (kinetohora)

L

lamarckisme, n. m. – lamarkizam

lignée germinale, n. f. – germinalna linija

LSD1 (lysine spécifique déméthylase 1), n. f. – LSD1 lizin specifična demetilaza 1

lyonisation, n. f. – lionizacija

lysine, n. f. – lizin

M

marquage épigénétique, n. m. – epigenetsko označivanje

marque épigénétique, n. f. – epigenetska oznaka

MBD (eng. methyl-CpG binding domain) – CpG vezno mjesto

MBD1 – protein MBD1

MBD2 – protein MBD2

MBD3 – protein MBD3

MBD4 – protein MBD4

MeCP2 – protein MeCP2

méiose, n. f. – mejoza

méthylation, n. f. – metilacija

méthylé, adj. – metiliran

méthyltransférase, n. f. - metiltransferaza

microtubule, n. m. – mikrotubul

mitose, n. f. – mitoza

modification, n. f. – modifikacija

modification épigénétique, n. f. – epigenetska modifikacija

modification post-traductionnelle, n. f. – posttranslacijska modifikacija

molécule, n. f. – molekula

morphogénèse, n. f. – morfogeneza

mutant, n. – mutant

mutation, n. f. – mutacija

mutation ponctuelle, n. f. – točkasta mutacija

N

NAP-1 (eng. nucleosome assembly protein 1) – šaperon NAP-1

noyau, n. m. – jezgra

N-terminale, n. f. – N-terminalni kraj

nucléosome, n.m. – nukleosom

nucléotide, n.m. – nukleotid

nutrition, n. f. – ishrana

O

octamère, n. m. – oktamer

opéron, n. m. – operon

organe, n.m. – organ

organisme, n.m. – organizam

ovocyte, n. m. – oocita, jajna stanica

P

paires de bases (pb), n. f.pl. – parovi baza

paramutation, n. f. – paramutacija

particule coeur, n. f. – nukleosomska jezgra

patrimoine épigénétique, n. m. – epigenetsko nasljeđe

patrimoine génétique, n. m. – genetsko nasljeđe

phase S, n. f. – S faza (interfaze)

phénomènes épigénétiques, n. m. pl. – epigenetski fenomeni

phénotype, n. m. – fenotip

 phénotype intermédiaire, n.m. – intermedijarni fenotip

 phénotype récessif, n. m. – recesivni fenotip

phosphorylation, n. f. – fosforilacija

phosphorylé, adj. – fosforiliran

pluripotence, n. f. – pluripotentnost

polycomb, n. m. – polikomb pritein

prion, n. m. – prion

promoteur, n. m. – promotor

protamine, n. f. – protamin

protéase, n. f. – proteaza

protéine, n.f. – protein (bjelančevina)

R

récepteur, n. m. – receptor

recombinaison, n. f. - rekombinacija

 recombinaison homologue, n. f. – homologna rekombinacija

recombinant,e adj. – rekombinantan

régime alimentaire, n. m. – prehrana

règles (lois) de Mendel, n. f. – Mendelovi zakoni

régulation, n. f. – regulacija

 régulation épigénétique, n. f. – epigenetska regulacija

réparation, n. f. – popravak

réplication, n. f. – replikacija

répresseur (de la transcription), n. m. – represor

répression, n. f. – utišavanje

réprimé, adj. – utišan

réprimer, v. – utišati

réproduction, n. f. – reprodukcija

S

s'exprimer, v. – izražavati se

sélection naturelle, n. f. – prirodna selekcija

semi dominance, n. f. – nepotpuna dominacija

séquençage, n. m. – sekvenciranje

séquence, n. f. – sekvenca

 séquence régulatrice, n. m. – regulatorna sekvenca

sérine (S), n. f. – serin

signaux épigénétiques, n. pl. – epigenetički signali

site abasique, n. m. – abazično mjesto

site de liaison, n. m. – vezno mjesto

Sp1(eng. specificity protein 1) – transkripcijski aktivator Sp1

spermatogénèse, n. f. – spermatogeneza

spermatozoïde, n .m. – spermatozoid, spermij

sumoylation, n. f. – sumoilacija

synthèse, n. f. – sinteza

T

tétramère, n.m. – tetramer

thymine (T), n. f. – timin

tissue, n. m. – tkivo

traduction, n. f. – translacija

transcription, n. f. – transkripcija

transducteur, n. m. – transduktor

transduction, n. f. – transdukcija

translocation, n. f. – translokacija

transmission, n. f. – prenošenje, nasljeđivanje

transmission épigénétique, n. f. – epigenetsko nasljeđivanje (prenošenje)

transposition, n. f. – premještanje

transposition, n.f. – premještanje

transposon, n. m. – transpozon

transvection, n. f. – transfekcija

Tsix – Tsix ARN (antisens na Xist)

tubes séminifères, n. m. – seminiferni tubuli

tyrosine kinase, n. f. – tirozin kinaza

U

ubiquitinylation, n. f. – ubikvitinilacija

uracile (U), n. f. – uracil

V

variant d'histone, n. m. – varijanta histona

variation, n. f. – promjena

variation héréditaire, n.f. – nasljedna promjena

X

Xist – Xist RNA (eng. X-inactive specific transcript)

Y

YY1(Yin Yang 1) – transkripcijski aktivator YY1

Z

zygote, n. m. – zigota

3.3. Arborescence

3.4. Fiches terminologiques

| | |
|---|--|
| Terme | chromatine |
| Catégorie grammaticale | n. f. |
| Collocation(s) | modifications de la chromatine, compactage de la chromatine |
| Domaine(s) | biologie |
| Sous-domaine(s) | biologie moléculaire |
| Définition | Substance de base des chromosomes des eucaryotes, correspondant à l'association de l'ADN et des protéines histones. |
| Remarque linguistique | |
| Synonyme(s) | |
| Parasynonyme(s) | |
| Hypéronyme(s) | noyau |
| Relation avec l'hypéronyme | relation partitive |
| Co-hyponyme(s) | enzyme, protéine, facteur de transcription |
| Hyponyme(s) | euchromatine, hétérochromatine |
| Isonyme(s) | |
| Contexte du terme (+ référence) | L'épigénétique intervient aussi au niveau de la chromatine, la forme prise par l'ADN nucléaire. Celle-ci peut être décondensée (ouverte) ou condensée (fermée), ces états étant placés sous la dépendance de protéines appelées histones. Ref. : Chaput, Janlou, « <i>La méthylation de l'ARN change notre conception de l'expression génique</i> », http://www.futura-sciences.com/magazines/sante/infos/actu/d/biologie-methylation-arn-change-notre-conception-expression-genique-38864/ (page consultée le 6 janvier 2013) |
| Équivalent croate | kromatin |
| Catégorie grammaticale | n. m. |
| Source de l'équivalent | Réf. : Pavlica, Mirjana. <i>Genetika</i> , Web udžbenik, http://www.genetika.biol.pmf.unizg.hr/impresum.html (page consultée 20 mars 2012) |
| Remarque linguistique sur l'équivalent | |
| Contexte de l'équivalent (+ référence) | Budući da je u eukariota DNA pakirana u kromatin, transkripcijska mašinerija mora biti sposobna kontrolirati njegovu kondenzaciju i dekonenzaciju. Réf. : Pavlica, Mirjana. <i>Genetika</i> , Web udžbenik, 17. Regulacija genske ekspresije u eukariota http://www.genetika.biol.pmf.unizg.hr/impresum.html |

| | |
|---|--|
| Terme | histone |
| Catégorie grammaticale | n. f. |
| Collocation(s) | modifications d'histone, octamère d'histone |
| Domaine(s) | biologie |
| Sous-domaine(s) | biologie moléculaire |
| Définition | Protéine simple (holoprotéine), de base, située à l'intérieur du noyau de la cellule et liée à l'acide désoxyribonucléique dans les nucléosomes. |
| Remarque linguistique | |
| Synonyme(s) | |
| Parasynonyme(s) | |
| Hypéronyme(s) | protéine, nucléosome |
| Relation avec l'hypéronyme | relation générique, relation partitive |
| Co-hyponyme(s) | ADN |
| Hyponyme(s) | H2A, H2B, H3, H4 |
| Isonyme(s) | |
| Contexte du terme (+ référence) | Plus largement, on sait aujourd'hui que les gènes peuvent être "allumés" ou "éteints" par plusieurs types de modifications chimiques qui ne changent pas la séquence de l'ADN : des méthylations de l'ADN, mais aussi des changements des histones, ces protéines sur lesquelles s'enroule l'ADN pour former la chromatine. Réf. : Rosier, Florence, « <i>L'épigénétique, l'hérédité au-delà de l'ADN</i> », http://www.lemonde.fr/sciences/article/2012/04/13/1-epigenetique-une-heredite-sans-adn_1684720_1650684.html (page consultée le 6 avril 2013) |
| Équivalent croate | histon |
| Catégorie grammaticale | n. m. |
| Source de l'équivalent | Marlow, Sally, « <i>Epigenetika u psihijatrijskim poremećajima: vodič za početnike</i> », http://www.hkld.hr/news.php?extend.1078 (page consultée le 8 mars 2013) |
| Remarque linguistique sur l'équivalent | |
| Contexte de l'équivalent (+ référence) | Također su važne različite modifikacije histona (vrsta jednostavnih bjelančevina prisutna u jezgrama stanica), koje mijenjaju način pakiranja DNA. Réf. : Marlow, Sally, « <i>Epigenetika u psihijatrijskim poremećajima: vodič za početnike</i> », http://www.hkld.hr/news.php?extend.1078 (page consultée le 8 mars 2013) |

| | |
|---|---|
| Terme | méthylation |
| Catégorie grammaticale | n. f. |
| Collocation(s) | méthylation de l'ADN, méthylation des histones, inhiber la méthylation |
| Domaine(s) | biochimie |
| Sous-domaine(s) | biochimie dynamique |
| Définition | Attache ou la substitution d'un groupement méthyle sur un substrat. |
| Remarque linguistique | |
| Synonyme(s) | |
| Parasynonyme(s) | |
| Hypéronyme(s) | modification post-traductionnelle, code histone |
| Relation avec l'hypéronyme | relation générique |
| Co-hyponyme(s) | acétylation, phosphorylation, ubiquitinylation, sumoylation |
| Isonyme(s) | |
| Contexte du terme (+ référence) | Les extrémités amino- et carboxyterminales des histones sont les cibles privilégiées de modifications post-traductionnelles : les mieux caractérisées sont l'acétylation, la méthylation, la phosphorylation et l'ubiquitinylation. Réf. : Ray-Gallet, D., Gérard, A., Polo, S. et Almouzni, G. <i>Variations sur le thème du « code histone »</i> http://www.erudit.org/revue/ms/2005/v21/n4/010772ar.html?vue=resume (page consultée le 6 janvier 2013) |
| Équivalent croate | metilacija |
| Catégorie grammaticale | n. f. |
| Source de l'équivalent | Marlow, Sally, « <i>Epigenetika u psihijatrijskim poremećajima: vodič za početnike</i> », http://www.hkld.hr/news.php?extend.1078 (page consultée le 8 mars 2013) |
| Remarque linguistique sur l'équivalent | |
| Contexte de l'équivalent (+ référence) | Najviše proučavan i stabilan epigenetski proces jest metilacija DNA, kada se metilna skupina, sastavljena od jednog atoma ugljika na koji su priključena tri atoma vodika, dodaje DNA. Réf. : Marlow, Sally, « <i>Epigenetika u psihijatrijskim poremećajima: vodič za početnike</i> », http://www.hkld.hr/news.php?extend.1078 (page consultée le 8 mars 2013) |

| | |
|---|---|
| Terme | transcription |
| Catégorie grammaticale | n. f. |
| Collocation(s) | favoriser la transcription, contrôler la transcription |
| Domaine(s) | biologie |
| Sous-domaine(s) | biologie moléculaire |
| Définition | Processus biologique qui consiste, au niveau de la cellule, en la copie des régions dites codantes de l'ADN en molécules d'ARN. |
| Remarque linguistique | |
| Synonyme(s) | |
| Parasynonyme(s) | |
| Hypéronyme(s) | expression génique |
| Relation avec hypéronyme | relation générique |
| Co-hyponyme(s) | traduction |
| Isonyme(s) | |
| Contexte du terme (+ référence) | Pour comprendre la nature du signal permettant de transférer ce phénotype, les auteurs ont étudié la transcription du gène <i>kit</i> au cours de la spermatogenèse, révélant ainsi une expression plus importante chez les hétérozygotes. Réf. : Gilgenkrantz, Hélène, « <i>Transmission non mendélienne relayée par l'ARN, ou le gène revisité...</i> », http://www.erudit.org/revue/ms/2006/v22/n6-7/013511ar.html?vue=resume |
| Équivalent croate | transkripcija |
| Catégorie grammaticale | n. f. |
| Source de l'équivalent | Jelenić, Srećko [et al.] : <i>Biologija 4 : genetika, ekologija, evolucija</i> : udžbenik iz biologije za četvrti razred gimnazije, Zagreb : Profil, 2004 : 15 |
| Remarque linguistique sur l'équivalent | |
| Contexte de l'équivalent (+ référence) | Proces je u mnogočemu sličan replikaciji molekule DNA, a zove se transkripcija (prepisivanje genetičke upute). Tijekom transkripcije, najprije dolazi do prekidanja vodikovih veza između DNA-lanca na početku dijela gena koji se prepisuje, odnosno na početku gena. Réf. : Jelenić, Srećko [et al.] : <i>Biologija 4 : genetika, ekologija, evolucija</i> : udžbenik iz biologije za četvrti razred gimnazije, Zagreb : Profil, 2004 : 15 |

| | |
|---|---|
| Terme | hérédité |
| Catégorie grammaticale | n. m. |
| Collocation(s) | |
| Domaine(s) | biologie |
| Sous-domaine(s) | génétique |
| Définition | Transmission, au sein d'une espèce vivante ou d'une lignée de cellules, de caractéristiques d'une génération à la suivante. |
| Remarque linguistique | |
| Synonyme(s) | |
| Hypéronyme(s) | transmission |
| Relation avec l'hypéronyme | relation générique |
| Hyponyme(s) | hérédité des caractères acquis, hérédité épigénétique |
| Isonyme(s) | |
| Contexte du terme (+ référence) | Sans nier le rôle central de l'ADN, ils avancent qu'il existe un autre support de l'hérédité qui serait de nature « épigénétique » Réf. : Santos, Isabel. « L'ADN n'est plus le seul maître de l'hérédité », http://www1.rfi.fr/fichiers/mfi/sciencetechnologie/924.asp (page consultée le 29 novembre 2012). |
| Équivalent croate | nasljeđivanje |
| Catégorie grammaticale | n. n. |
| Source de l'équivalent | Réf. : Jelenić, Srećko [et al.] : <i>Biologija 4 : genetika, ekologija, evolucija</i> : udžbenik iz biologije za četvrti razred gimnazije, Zagreb : Profil, 2004 : 8 |
| Remarque linguistique sur l'équivalent | |
| Contexte de l'équivalent (+ référence) | Genetika je znanost koja se bavi istraživanjem svih aspekata nasljeđivanja. Nasljeđivanje se može proučavati na različitim organizacijskim razinama života – na razini molekula, kromosoma, stanica, itd. Réf. : Jelenić, Srećko [et al.] : <i>Biologija 4 : genetika, ekologija, evolucija</i> : udžbenik iz biologije za četvrti razred gimnazije, Zagreb : Profil, 2004 : 8 |

| | |
|---|--|
| Terme | expression |
| Catégorie grammaticale | n. f. |
| Collocation(s) | expression des gènes, contrôle de l'expression |
| Domaine(s) | biologie |
| Sous-domaine(s) | génétique |
| Définition | Ensemble des processus biochimiques par lesquels l'information héréditaire stockée dans un gène est lue pour aboutir à la fabrication de molécules qui auront un rôle actif dans le fonctionnement cellulaire, comme les protéines ou les ARN. |
| Remarque linguistique | |
| Synonyme(s) | activité |
| Parasynonyme(s) | |
| Hypéronyme(s) | |
| Relation avec l'hypéronyme | relation générique |
| Hyponyme(s) | expression génique, transcription, traduction |
| Isonyme(s) | répression |
| Contexte du terme (+ référence) | Les groupements méthyle liés au transposon en 5' inhibent l'expression du gène agouti sans que sa séquence soit changée. Réf. : Locker, D. « <i>L'épigénétique ou Lamarck pourrait-il avoir raison?</i> » http://daniel.locker.perso.sfr.fr/article%20vulgarisation/resume%20Darwincor2612010.pdf (page consultée le 29 novembre 2012) |
| Équivalent croate | ekspresija |
| Catégorie grammaticale | n. f. |
| Source de l'équivalent | Pavlica, Mirjana. <i>Genetika</i> , Web udžbenik, 17. Regulacija genske ekspresije u eukariota http://www.genetika.biol.pmf.unizg.hr/impresum.html (page consultée 20 mars 2012) |
| Remarque linguistique sur l'équivalent | |
| Contexte de l'équivalent (+ référence) | Iako su neki osnovni principi regulacije ekspresije gena zajednički i prokariotima i eukariotima, u eukariota postoje dodatne razine regulacije zbog složenosti organizacije genoma. Réf. : Pavlica, Mirjana. <i>Genetika</i> , Web udžbenik, 17. Regulacija genske ekspresije u eukariota http://www.genetika.biol.pmf.unizg.hr/impresum.html (page consultée 20 mars 2012) |

| | |
|---|--|
| Terme | cytosine |
| Catégorie grammaticale | n. f. |
| Sigle | C |
| Collocation(s) | cytosine méthylée, méthylation des cytosines |
| Domaine(s) | biochimie |
| Sous-domaine(s) | biochimie statique |
| Définition | Base pyrimidique qui entre dans la composition des acides nucléiques. |
| Remarque linguistique | |
| Synonyme(s) | |
| Parasynonyme(s) | |
| Hypéronyme(s) | base, nucléotide |
| Relation avec l'hypéronyme | relation générique, relation partitive |
| Co-hyponyme(s) | adénine, thymine, guanine |
| Isonyme(s) | |
| Contexte du terme (+ référence) | La modification majeure de l'ADN est la méthylation de la cytosine, qui est généralement la marque d'une chromatine transcriptionnellement silencieuse chez les vertébrés. Réf. : Ray-Gallet, D., Gérard, A., Polo, S. et Almouzni, G. <i>Variations sur le thème du « code histone »</i> http://www.erudit.org/revue/ms/2005/v21/n4/010772ar.html?vue=resume (page consultée le 6 janvier 2013) |
| Équivalent croate | citozin |
| Catégorie grammaticale | n. m. |
| Source de l'équivalent | Jelenić, Srećko [et al.] : <i>Biologija 4 : genetika, ekologija, evolucija</i> : udžbenik iz biologije za četvrti razred gimnazije, Zagreb : Profil, 2004 : 10 |
| Remarque linguistique sur l'équivalent | |
| Contexte de l'équivalent (+ référence) | U građi molekule DNA dolaze četiri različite dušične baze : dvije pirimidinske (timin T i citozin C) i dvije purinske (adenin A i gvanin G). Réf. : Jelenić, Srećko [et al.] : <i>Biologija 4 : genetika, ekologija, evolucija</i> : udžbenik iz biologije za četvrti razred gimnazije, Zagreb : Profil, 2004 : 10 |

| | |
|---|---|
| Terme | phénotype |
| Catégorie grammaticale | n. m. |
| Collocation(s) | présenter un phénotype, influencer le phénotype |
| Domaine(s) | biologie |
| Sous-domaine(s) | génétique |
| Définition | Ensemble des caractéristiques individuelles correspondant à une réalisation du génotype. |
| Remarque linguistique | |
| Synonyme(s) | |
| Parasynonyme(s) | |
| Hypéronyme(s) | hérédité |
| Relation avec l'hypéronyme | relation générique |
| Hyponyme(s) | phénotype récessif, phénotype intermédiaire |
| Isonyme(s) | génotype |
| Contexte du terme (+ référence) | Comment s'opère le passage du génotype (l'ensemble des gènes) au phénotype (l'ensemble des caractères d'un individu) ? A l'époque, on ignorait que l'ADN est le support de l'hérédité. Mais les liens entre génotype et phénotype se précisent peu à peu, à mesure qu'on découvre la structure des gènes et leur mode de régulation. Réf. : Rosier, Florence, « <i>L'épigénétique, l'hérédité au-delà de l'ADN</i> », http://www.lemonde.fr/sciences/article/2012/04/13/l-epigenetique-une-heredite-sans-adn_1684720_1650684.html (page consultée le 6 avril 2013) |
| Équivalent croate | fenotip |
| Catégorie grammaticale | n. m. |
| Source de l'équivalent | Jelenić, Srećko [et al.] : <i>Biologija 4 : genetika, ekologija, evolucija</i> : udžbenik iz biologije za četvrti razred gimnazije, Zagreb : Profil, 2004 : 9 |
| Remarque linguistique sur l'équivalent | |
| Contexte de l'équivalent (+ référence) | Skup svih svojstava nekog organizma naziva se fenotip. Međutim, ne nasljeđuje se fenotip (ne nasljeđuju se svojstva). Nasljeđuju se geni koji određuju svojstva (genotip). Réf. : Jelenić, Srećko [et al.] : <i>Biologija 4 : genetika, ekologija, evolucija</i> : udžbenik iz biologije za četvrti razred gimnazije, Zagreb : Profil, 2004 : 9 |

| | |
|---|---|
| Terme | méiose |
| Catégorie grammaticale | n. f. |
| Collocation(s) | |
| Domaine(s) | biologie |
| Sous-domaine(s) | biologie cellulaire |
| Définition | Division de la cellule en deux étapes aboutissant à la réduction de moitié du nombre des chromosomes, et qui se produit au moment de la formation des cellules reproductrices. |
| Remarque linguistique | |
| Synonyme(s) | |
| Parasynonyme(s) | |
| Hypéronyme(s) | division cellulaire |
| Relation avec l'hypéronyme | relation générique |
| Co-hyponyme(s) | mitose |
| Isonyme(s) | |
| Contexte du terme (+ référence) | Les modifications épigénétiques seront transmises à plusieurs niveaux différents. Soit à l'ensemble des cellules d'un individu par les mitoses soit également à la descendance au travers de la méiose. Réf. : Locker, D. « <i>L'épigénétique ou Lamarck pourrait-il avoir raison?</i> » http://daniel.locker.perso.sfr.fr/article%20vulgarisation/resume%20Darwincor2612010.pdf (page consultée le 29 novembre 2012) |
| Équivalent croate | mejoza |
| Catégorie grammaticale | n. f. |
| Source de l'équivalent | Jelenić, Srećko [et al.] : <i>Biologija 4 : genetika, ekologija, evolucija</i> : udžbenik iz biologije za četvrti razred gimnazije, Zagreb : Profil, 2004 : 34 |
| Remarque linguistique sur l'équivalent | |
| Contexte de l'équivalent (+ référence) | Za razliku od mitoze, mejoza se u višestaničnim organizmima odvija samo u posebnim dijelovima tijela koji se obično nazivaju rasplodni organi, jer je svrha stvaranja haploidnih stanica isključivo razmnožavanje organizma, a ne stanica. Réf. : Jelenić, Srećko [et al.] : <i>Biologija 4 : genetika, ekologija, evolucija</i> : udžbenik iz biologije za četvrti razred gimnazije, Zagreb : Profil, 2004 : 34 |

| | |
|---|---|
| Terme | code histone |
| Catégorie grammaticale | n. m. |
| Collocation(s) | l'hypothèse du « code histone » |
| Domaine(s) | biologie |
| Sous-domaine(s) | épigénétique |
| Définition | Ensemble de modifications post-traductionnelles de la chromatine qui apportent une information épigénétique. |
| Remarque linguistique | |
| Synonyme(s) | |
| Parasynonyme(s) | |
| Hypéronyme(s) | modification épigénétique |
| Relation avec l'hypéronyme | relation générique |
| Hyponyme(s) | modifications post-traductionnelles |
| Isonyme(s) | code génétique |
| Contexte du terme (+ référence) | Il est proposé que l'ensemble des modifications des histones constituerait un code, appelé « code histone », qui permettrait d'associer à chaque combinaison de modifications un état particulier de la chromatine. Réf. : Ray-Gallet, D., Gérard, A., Polo, S. et Almouzni, G. <i>Variations sur le thème du « code histone »</i> http://www.erudit.org/revue/ms/2005/v21/n4/010772ar.html?vue=resume (page consultée le 6 janvier 2013) |
| Équivalent croate | histonski kod |
| Catégorie grammaticale | n. m. |
| Source de l'équivalent | Ćuk, Mario, <i>Utjecaj nedostatne aktivnosti S-adenozilhomocistein hidrolaze na metilaciju protein</i> http://medlib.mef.hr/1900/1/Cuk_M_disertacija_rep_1900.pdf |
| Remarque linguistique sur l'équivalent | |
| Contexte de l'équivalent (+ référence) | Metiliranje arginina unutar histona putem PRMT1 i PRMT4, na primjer, određuje histonski kôd. Metilacija arginina je važna za funkciju proteina koji vežu RNA, uključujući hnRNP-A1, a važna je i za interakcije među proteinima. Réf. : Ćuk, Mario, <i>Utjecaj nedostatne aktivnosti S-adenozilhomocistein hidrolaze na metilaciju protein</i> http://medlib.mef.hr/1900/1/Cuk_M_disertacija_rep_1900.pdf |

| | |
|---|--|
| Terme | lysine |
| Catégorie grammaticale | n. f. |
| Sygle | Lys ou K |
| Collocation(s) | déméthyle la lysine, méthylation de la lysine |
| Domaine(s) | biochimie |
| Sous-domaine(s) | biochimie statique |
| Définition | Acide aminé qui entre dans la composition des protéines et qui peut être apporté par la nourriture. |
| Remarque linguistique | |
| Synonyme(s) | |
| Parasynonyme(s) | |
| Hypéronyme(s) | acide aminé, histone |
| Relation avec l'hypéronyme | relation générique, relation partitive |
| Co-hyponyme(s) | arginine, sérine |
| Isonyme(s) | |
| Contexte du terme (+ référence) | La méthylation de la lysine 9 sur l'histone H3 constitue une marque - ou signature - associée aux régions du génome transcriptionnellement inactives, tandis que l'état hyperacétylé des histones correspond généralement aux régions actives. Réf. : Ray-Gallet, D., Gérard, A., Polo, S. et Almouzni, G. <i>Variations sur le thème du « code histone »</i> http://www.erudit.org/revue/ms/2005/v21/n4/010772ar.html?vue=resume (page consultée le 6 janvier 2013) |
| Équivalent croate | lizin |
| Catégorie grammaticale | n. m. |
| Source de l'équivalent | Gall Trošel, K., Novak Kujundžić, R., Grbeša. I. <i>Epigenetika i fiziologija gena</i> http://hrcak.srce.hr/38807 (page consultée le 8 mars 2013) |
| Remarque linguistique sur l'équivalent | |
| Contexte de l'équivalent (+ référence) | Konačna informacija koja je značajno mijenjala sliku epigenetičkog mozaika bila je iznimno zanimljiva: smanjena acetilacija histona, ili dimetilacija H3K4, udružena s povišenom dimetilacijom lizina, devetog u slijedu aminokiselina histona H3 (H3K9m2), ima ključnu ulogu u utišavanju gena RASSF1. Réf. : Gall Trošel, K., Novak Kujundžić, R., Grbeša. I. <i>Epigenetika i fiziologija gena</i> http://hrcak.srce.hr/38807 (page consultée le 8 mars 2013) |

| | |
|---|--|
| Terme | nucléotide |
| Catégorie grammaticale | n. m. |
| Collocation(s) | nucléotide de stockage, nucléotides des acides nucléiques |
| Domaine(s) | biochimie |
| Sous-domaine(s) | biochimie statique |
| Définition | Molécule organique qui est l'élément de base d'un acide nucléique tel que l'ADN ou l'ARN, composé d'une nucléobase et d'un sucre à 5 carbones dit pentose, dont l'association forme un nucléoside, et de 1 à 3 groupements phosphates. |
| Remarque linguistique | |
| Synonyme(s) | |
| Parasynonyme(s) | |
| Hypéronyme(s) | ADN |
| Relation avec l'hypéronyme | relation partitive |
| Hyponyme(s) | base |
| Isonyme(s) | |
| Contexte du terme (+ référence) | De façon inattendue, une étude récente montre que Kaiso peut aussi reconnaître une séquence spécifique non méthylée, de sept nucléotides, par l'intermédiaire du même domaine à doigts de zinc. Réf. : Filion, G., Defossez, P.-A. <i>Les protéines se liant à l'ADN méthylé: interprètes du code épigénétique DNA methyltransferases</i> http://www.erudit.org/revue/ms/2004/v20/n1/007510ar.pdf (page consultée le 9 janvier 2013) |
| Équivalent croate | nukleotid |
| Catégorie grammaticale | n. m. |
| Source de l'équivalent | Jelenić, Srećko [et al.] : <i>Biologija 4 : genetika, ekologija, evolucija</i> : udžbenik iz biologije za četvrti razred gimnazije, Zagreb : Profil, 2004 : 10 |
| Remarque linguistique sur l'équivalent | |
| Contexte de l'équivalent (+ référence) | Lanci molekule DNA građeni su od nukleotida koji se sastoje od jedne molekule šećera deoksiriboze, na čijem je petom C-atomu vezan fosfat, a na prvom C-atomu dušićna baza. Réf. : Jelenić, Srećko [et al.] : <i>Biologija 4 : genetika, ekologija, evolucija</i> : udžbenik iz biologije za četvrti razred gimnazije, Zagreb : Profil, 2004 : 10 |

| | |
|---|--|
| Terme | caractère |
| Catégorie grammaticale | n. m. |
| Collocation(s) | caractères exprimés |
| Domaine(s) | biologie |
| Sous-domaine(s) | génétique |
| Définition | Trait propre à une personne transmissible de manière héréditaire aux générations suivantes. |
| Remarque linguistique | |
| Synonyme(s) | caractéristique |
| Parasynonyme(s) | |
| Hypéronyme(s) | phénotype |
| Relation avec l'hypéronyme | relation partitive |
| Hyponyme(s) | caractère acquis, caractère inné |
| Isonyme(s) | |
| Contexte du terme (+ référence) | Rappelons quelques définitions : le phénotype est l'ensemble des caractères visibles d'un individu, depuis le niveau de l'organisme jusqu'au niveau moléculaire. Réf. : Locker, D. « <i>L'épigénétique ou Lamarck pourrait-il avoir raison?</i> » http://daniel.locker.perso.sfr.fr/article%20vulgarisation/resume%20Darwincor2612010.pdf (page consultée le 29 novembre 2012) |
| Équivalent croate | svojstvo |
| Catégorie grammaticale | n. n. |
| Source de l'équivalent | Jelenić, Srećko [et al.] : <i>Biologija 4 : genetika, ekologija, evolucija</i> : udžbenik iz biologije za četvrti razred gimnazije, Zagreb : Profil, 2004 : 9 |
| Remarque linguistique sur l'équivalent | |
| Contexte de l'équivalent (+ référence) | Što sve podrazumijevamo pod pojmom svojstvo ? To je gotovo svaka značajka nekog organizma (izgled i dimenzije dijelova i organizma u cjelini, fizičke i intelektualne sposobnosti, fiziološki procesi, kemijski sastav, itd. Réf. : Jelenić, Srećko [et al.] : <i>Biologija 4 : genetika, ekologija, evolucija</i> : udžbenik iz biologije za četvrti razred gimnazije, Zagreb : Profil, 2004 : 9 |

| | |
|---|--|
| Terme | ARN non codant |
| Catégorie grammaticale | n. m. |
| Sigle | ARNnm |
| Collocation(s) | fixation d'ARN non codants |
| Domaine(s) | biochimie |
| Sous-domaine(s) | biochimie statique |
| Définition | ARN issu de la transcription de l'ADN qui ne sera pas traduit en protéine par les ribosomes. |
| Remarque linguistique | |
| Synonyme(s) | |
| Parasynonyme(s) | |
| Hypéronyme(s) | ARN |
| Relation avec l'hypéronyme | relation générique |
| Hyponyme(s) | ARN non codant Xist, ARN non codant Tsix |
| Co-hyponyme(s) | ARNm |
| Isonyme(s) | |
| Contexte du terme (+ référence) | On regroupe sous le terme de modifications épigénétiques plusieurs mécanismes différents comme l'addition de groupements chimiques sur la molécule d'ADN ou sur les protéines de la chromatine (les histones) (..) ou encore la reconnaissance de la chromatine par des ARN non codants. Réf. : Locker, D. « <i>L'épigénétique ou Lamarck pourrait-il avoir raison?</i> » http://daniel.locker.perso.sfr.fr/article%20vulgarisation/resume%20Darwincor2612010.pdf (page consultée le 29 novembre 2012) |
| Équivalent croate | nekodirajuća RNA |
| Catégorie grammaticale | n. f. |
| Source de l'équivalent | Dokleja, M. <i>Računalne metode u istraživanju nekodirajuće RNA</i> http://complex.zesoi.fer.hr/data/Seminar_2007_Dokleja_Racunalne_metode_u_istrazivanju_nekodirajuce_RNA.pdf (page consultée le 22 septembre 2013) |
| Remarque linguistique sur l'équivalent | |
| Contexte de l'équivalent (+ référence) | Naime, podvrsta molekule RNA su nekodirajuće RNA ili ncRNA čija je osnovna karakteristika ta da su to molekule RNA koje se ne prevode u protein. Réf. : Dokleja, M. <i>Računalne metode u istraživanju nekodirajuće RNA</i> http://complex.zesoi.fer.hr/data/Seminar_2007_Dokleja_Racunalne_metode_u_istrazivanju_nekodirajuce_RNA.pdf (page consultée le 22 septembre 2013) |

| | |
|---|--|
| Terme | ovocyte |
| Catégorie grammaticale | n. m. |
| Collocation(s) | cytoplasme de l'ovocyte |
| Domaine(s) | biologie |
| Sous-domaine(s) | biologie cellulaire |
| Définition | Cellule sexuelle femelle qui n'est pas parvenu à maturité. |
| Remarque linguistique | |
| Synonyme(s) | gamète femelle |
| Parasynonyme(s) | |
| Hypéronyme(s) | cellule sexuelle, cellule reproductrice |
| Relation avec l'hypéronyme | relation générique |
| Co-hyponyme(s) | spermatozoïde |
| Isonyme(s) | |
| Contexte du terme (+ référence) | Si ces méthylations affectent les cellules sexuelles, les spermatozoïdes ou les ovocytes, elles peuvent tout à fait être transmises à la descendance par le même processus. Réf. : Bomboy, Alice. Epigénétique. <i>Comment se joue la partition du génome ?</i> http://www.bdsp.ehesp.fr/Fulltext/460741/ (page consultée le 29 novembre 2012) |
| Équivalent croate | oocita, jajna stanica |
| Catégorie grammaticale | n. f. |
| Source de l'équivalent | Pavlica, Mirjana. <i>Genetika</i> , Web udžbenik, 18. Citoplazmatsko nasljeđivanje http://www.genetika.biol.pmf.unizg.hr/impresum.html (page consultée 20 mars 2012) |
| Remarque linguistique sur l'équivalent | |
| Contexte de l'équivalent (+ référence) | Učinak majčinskih supstanci (produkti majčinskih gena) na fenotip potomaka je majčinski učinak (učinak majčinog genotipa na fenotip potomaka). Takva majčinska supstanca može biti mRNA koja nastaje transkripcijom gena u primarnoj oociti te se u tom obliku prenosi citoplazmom sve do zigote gdje se očituje kao ekspresija majčinog genotipa. Réf. : Pavlica, Mirjana. <i>Genetika</i> , Web udžbenik, 18. Citoplazmatsko nasljeđivanje http://www.genetika.biol.pmf.unizg.hr/impresum.html (page consultée 20 mars 2012) |

| | |
|---|--|
| Terme | lamarckisme |
| Catégorie grammaticale | n. m. |
| Collocation(s) | |
| Domaine(s) | biologie |
| Sous-domaine(s) | évolution |
| Définition | Théorie transformiste qui explique l'évolution des êtres vivants par l'influence directe du milieu, et par l'hérédité des caractères acquis. |
| Remarque linguistique | |
| Synonyme(s) | |
| Parasynonyme(s) | |
| Hypéronyme(s) | théorie de l'évolution |
| Relation avec l'hypéronyme | relation générique |
| Co-hyponyme(s) | darwinisme |
| Isonyme(s) | |
| Contexte du terme (+ référence) | (...) comme dans le cadre du Lamarckisme, on a une influence du milieu sur l'expression ou la répression des gènes qui permet une adaptation très rapide et réversible à un environnement donné. Ref. : Locker, D. « <i>L'épigénétique ou Lamarck pourrait-il avoir raison?</i> » http://daniel.locker.perso.sfr.fr/article%20vulgarisation/resume%20Darwincor2612010.pdf (page consultée le 29 novembre 2012) |
| Équivalent croate | lamarkizam |
| Catégorie grammaticale | n. m. |
| Source de l'équivalent | Jelenić, Srećko [et al.] : <i>Biologija 4 : genetika, ekologija, evolucija</i> : udžbenik iz biologije za četvrti razred gimnazije, Zagreb : Profil, 2004 : 253 |
| Remarque linguistique sur l'équivalent | |
| Contexte de l'équivalent (+ référence) | Lamarkizam – evolucijska teorija prema kojoj je glavni činitelj evolucije potreba i nastojanje de se organizmi promijene kako bi se što bolje prilagodili okolišu. Réf. : Jelenić, Srećko [et al.] : <i>Biologija 4 : genetika, ekologija, evolucija</i> : udžbenik iz biologije za četvrti razred gimnazije, Zagreb : Profil, 2004 : 253 |

| | |
|---|---|
| Terme | promoteur |
| Catégorie grammaticale | n. m. |
| Collocation(s) | promoteur d'un gène, promoteur eucaryote |
| Domaine(s) | biologie |
| Sous-domaine(s) | biologie moléculaire |
| Définition | Région de l'ADN située à proximité d'un gène et indispensable à la transcription de l'ADN en ARN et sur laquelle se fixe initialement l'ARN polymérase. |
| Remarque linguistique | |
| Synonyme(s) | séquence promotrice |
| Parasynonyme(s) | |
| Hypéronyme(s) | opéron |
| Relation avec l'hypéronyme | relation partitive |
| Co-hyponyme(s) | |
| Isonyme(s) | |
| Contexte du terme (+ référence) | Ainsi, des groupements méthyle fixés au niveau de l'ADN des promoteurs ou séquences régulatrices des gènes répriment généralement leur expression. Ref. : Bomboy, Alice. <i>Epigénétique. Comment se joue la partition du génome ?</i> http://www.bdsp.ehesp.fr/Fulltext/460741/ (page consultée le 29 novembre 2012) |
| Équivalent croate | promotor |
| Catégorie grammaticale | n. m. |
| Source de l'équivalent | Jelenić, Srećko [et al.] : <i>Biologija 4 : genetika, ekologija, evolucija</i> : udžbenik iz biologije za četvrti razred gimnazije, Zagreb : Profil, 2004 : 256 |
| Remarque linguistique sur l'équivalent | |
| Contexte de l'équivalent (+ référence) | Promotor – redosljed nukleotida u molekuli DNA (nalazi se ispred gena) koji prepoznaje enzim RNA-polimeraza kao mjesto s kojeg mora početi prepisivanje genetičke upute, odnosno sintezu molekule RNA. Réf. : Jelenić, Srećko [et al.] : <i>Biologija 4 : genetika, ekologija, evolucija</i> : udžbenik iz biologije za četvrti razred gimnazije, Zagreb : Profil, 2004 : 256 |

| | |
|---|---|
| Terme | répression |
| Catégorie grammaticale | n. f. |
| Collocation(s) | répression des gènes, mécanismes de la répression |
| Domaine(s) | biologie |
| Sous-domaine(s) | biologie moléculaire |
| Définition | Interruption ou suppression de l'expression d'un gène au niveau de la transcription ou de la traduction. |
| Remarque linguistique | |
| Synonyme(s) | inactivation |
| Parasynonyme(s) | |
| Hypéronyme(s) | régulation |
| Relation avec l'hypéronyme | relation associative |
| Co-hyponyme(s) | |
| Isonyme(s) | expression |
| Contexte du terme (+ référence) | Cette inactivation se fait au hasard, entraîne la répression de l'expression des gènes de l'X inactivé ; de plus, elle est permanente et maintenue lors des mitoses. Réf. : Locker, D. « <i>L'épigénétique ou Lamarck pourrait-il avoir raison?</i> » http://daniel.locker.perso.sfr.fr/article%20vulgarisation/resume%20Darwincor2612010.pdf (page consultée le 29 novembre 2012) |
| Équivalent croate | utišavanje |
| Catégorie grammaticale | n. n. |
| Source de l'équivalent | Jerman, Marija-Biserka [ur.] <i>Pregled tehničke literature i dokumentacije</i> http://hrcak.srce.hr/index.php?show=clanak&id_clanak_jezik=108913 (page consultée le 22 septembre 2012) |
| Remarque linguistique sur l'équivalent | |
| Contexte de l'équivalent (+ référence) | RNA s dvostrukom zavojnicom važan je regulator aktivnosti gena. Ona potiče različite tipove utišavanja gena, što se općenito naziva RNA-utišavanje ili RNA-interferencija. Ključan korak u poznatim putovima utišavanja je pretvorba duge dsRNA u kratke dvostruko zavojite male interferirajuće molekule RNA karakterističnih veličina i struktura, siRNA (<i>small interfering RNA</i>) koje utišavaju gene određenim specifičnim mehanizmima. Réf. : Jerman, Marija-Biserka [ur.] <i>Pregled tehničke literature i dokumentacije</i> http://hrcak.srce.hr/index.php?show=clanak&id_clanak_jezik=108913 (page consultée le 22 septembre 2012) |

| | |
|---|--|
| Terme | méthyltransférase |
| Catégorie grammaticale | n. f. |
| Collocation(s) | méthyltransférases à site spécifique |
| Domaine(s) | biochimie |
| Sous-domaine(s) | biochimie statique |
| Définition | Enzyme de la famille des transférases dont le rôle est de catalyser le transfert un groupe méthyle d'une molécule (appelée donneur) à une autre (appelée accepteur). |
| Remarque linguistique | |
| Synonyme(s) | |
| Parasynonyme(s) | |
| Hypéronyme(s) | enzyme |
| Relation avec l'hypéronyme | relation générique |
| Hyponyme(s) | ADN méthyltransférase, histone méthyltransférase |
| Isonyme(s) | |
| Contexte du terme (+ référence) | [Les folates] font office de substrats pour les enzymes méthyltransférases : ils apportent ainsi à la cellule ce qu'il lui faut de groupements méthyle, afin que le modèle de méthylation et de déméthylation se déroule correctement. Réf. : Bomboy, Alice. <i>Epigénétique. Comment se joue la partition du génome ?</i> http://www.bdsp.ehesp.fr/Fulltext/460741/ (page consultée le 29 novembre 2012) |
| Équivalent croate | metiltansferaza |
| Catégorie grammaticale | n. f. |
| Source de l'équivalent | Salkić, B. <i>Zašto se geni mogu isključiti i uključiti ?</i> http://biologija.com.hr/modules/AMS/article.php?storyid=8169 (page consultée le 23 septembre 2013) |
| Remarque linguistique sur l'équivalent | |
| Contexte de l'équivalent (+ référence) | Enzim koji se naziva metiltransferaza specijaliziran je za ovaj proces. On dodaje metilne oznake na određena „slova" u genu te time pristup cijelom genu postane blokiran. „Jedan od velikih misterija molekularne biologije je pitanje kako metiltransferaze znaju gdje da dodaju metilne oznake kako bi selektivno inaktivirale određene gene. Réf. : Salkić, B. <i>Zašto se geni mogu isključiti i uključiti ?</i> http://biologija.com.hr/modules/AMS/article.php?storyid=8169 (page consultée le 23 septembre 2013) |

| | |
|---|---|
| Terme | facteurs de transcription |
| Catégorie grammaticale | n. m. pl. |
| Collocation(s) | |
| Domaine(s) | biologie |
| Sous-domaine(s) | biologie moléculaire |
| Définition | Protéines activateurs ou répresseurs du complexe transcriptionnel constitué autour de l'ARN polymérase qui agissent en se fixant sur les séquences régulatrices en amont des gènes à transcrire. |
| Remarque linguistique | |
| Synonyme(s) | |
| Parasynonyme(s) | |
| Hypéronyme(s) | protéine |
| Relation avec l'hypéronyme | relation générique |
| Hyponyme(s) | activateur transcriptionnel, répresseur (de la transcription) |
| Isonyme(s) | |
| Contexte du terme (+ référence) | (...) l'impossibilité de tenir compte de cette structure pour expliquer la régulation de l'activité des gènes par les facteurs de transcription crée un vide que l'épigénétique tente de combler. Réf. Morange, Michel. <i>Quelle place pour l'épigénétique ?</i> http://www.erudit.org/revue/ms/2005/v21/n4/010768ar.pdf |
| Équivalent croate | transkripcijski činitelji |
| Catégorie grammaticale | n. m. pl. |
| Source de l'équivalent | Jelenić, Srećko [et al.] : <i>Biologija 4 : genetika, ekologija, evolucija</i> : udžbenik iz biologije za četvrti razred gimnazije, Zagreb : Profil, 2004 : 27 |
| Remarque linguistique sur l'équivalent | |
| Contexte de l'équivalent (+ référence) | Ti se proteini obično nazivaju transkripcijski činitelji, a njihova je uloga pomaganje RNA-polimerazi da pronađe određeni promotor ili sprečavanje RNA-polimeraze u obavljanju njenog posla. Réf. : Jelenić, Srećko [et al.] : <i>Biologija 4 : genetika, ekologija, evolucija</i> : udžbenik iz biologije za četvrti razred gimnazije, Zagreb : Profil, 2004 : 27 |

Annexe : corpus

4. Conclusion

À la fin de notre mémoire de master, nous pouvons conclure que le travail terminographique est une tâche aussi exigeante qu'intéressante. Avant de commencer notre travail, nous avons dû d'abord rafraîchir nos connaissances antérieures en génétique et puis chercher les ouvrages spécialisés et non spécialisés écrits en croate afin de nous familiariser avec l'épigénétique, avec ses concepts spécialisés et les termes qui les désignent.

Lors de la traduction, nous avons été confrontés à des difficultés découlant de nos connaissances insuffisantes du sujet choisi et du degré de spécialisation du discours des textes à traduire. Quant à l'extraction des termes, la principale difficulté était de déterminer si un terme est vraiment pertinent ou non par rapport à notre sujet et de distinguer certains termes des collocations. De même, nous avons eu recours aux recherches sur Internet afin de trouver des sources des équivalents croates parce que nous n'avions pas à notre disposition de dictionnaires croates spécialisés dans le domaine choisi. Puisque l'épigénétique est une relativement nouvelle branche de la biologie, d'une part, nous avons eu des difficultés à trouver quelques équivalents croates des termes repérés dans les articles spécialisés français, et d'autre part, il était difficile de choisir entre deux équivalents croates l'équivalent le plus approprié. Dans ces situations, nous avons dû consulter des spécialistes de la Faculté des sciences. La création de l'arborescence et la rédaction des fiches terminologiques n'ont pas posé de difficultés particulières. Ces tâches ont seulement exigé du temps et elles se sont avérées le plus intéressantes. Mais, il faut souligner que, dans la représentation sous forme arborescente des relations entre les concepts, nous n'avons pas réussi à faire la distinction entre les relations partitives, les relations génériques et les relations associatives (toutes les relations sont représentées à l'aide de nœuds sous forme de rectangles et à l'aide de branches qui forment un angle aigu par rapport au nœud).

Pour conclure, nous pouvons dire que, de même que notre mémoire de master a contribué à l'approfondissement de nos connaissances en terminologie, de même il nous a aidé à actualiser nos connaissances en génétique.

5. Bibliographie et sitographie

BIBLIOGRAPHIE

- Anić, Vladimir. *Veliki rječnik hrvatskoga jezika*. Zagreb : Novi Liber, 2006.
- Anić, Vladimir [et al.] *Hrvatski enciklopedijski rječnik*. Zagreb : Novi Liber, 2004.
- Jelenić, Srećko [et al.] *Biologija 4 : genetika, ekologija, evolucija* : udžbenik iz biologije za četvrti razred gimnazije, Zagreb : Profil, 2004.
- Putanec, Valentin. *Francusko-hrvatski rječnik*. Zagreb : Školska knjiga, 2000.
- Robert, Paul. *Le Petit Robert : dictionnaire alphabétique et analogique de la langue française / texte remanié et amplifié sous la direction de Josette Rey-Debove et Alain Rey*. Paris : [Dictionnaires] Le Robert, 2010.

SITOGRAPHIE

- sources :

- Arbanas, Kovačević, Barbara. « Vaši geni ne određuju vašu sudbinu ! », <http://matrixworldhr.com/2012/08/27/vasi-gen-ne-odreduju-vasu-sudbinu/> (page consultée le 20 mars 2013).
- Auger, Pierre, Rousseau, Louis-Jean et coll. *Méthodologie de la recherche terminologique*, Québec : Office de la langue française, 1978, http://www.oqlf.gouv.qc.ca/ressources/bibliotheque/terminologie/methodologie_recherche_1978.pdf (page consultée le 11 juillet 2013).
- Bomboy, Alice. « Épigénétique : Comment se joue la partition du génome ? », *Science & Santé* 2012 ; 11 : 22-23, <http://www.inserm.fr/actualites/rubriques/magazine-science-sante/archives-du-magazine/%28offset%29/10> (page consultée le 29 novembre 2012).
- Boudet, Alain. « De l'ADN moléculaire à l'ADN vibratoire », http://www.spirit-science.fr/doc_humain/ADN2expression.html (page consultée le 16 avril 2013).
- Boutin-Quesnel, Rachel et coll. *Vocabulaire systématique de la terminologie*, Québec : Publications du Québec, 1985, http://www.oqlf.gouv.qc.ca/ressources/bibliotheque/dictionnaires/voc_systematique_terminologie.pdf (page consultée le 11 juillet 2013).

- Cabré, M. Teresa. « Terminologie et dictionnaires », *Meta : journal des traducteurs*, vol. 39, n° 4 (décembre 1994), <http://www.erudit.org/revue/meta/1994/v/n4/002182ar.html> (page consultée le 11 juin 2013).
- CST, *Recommandations relatives à la terminologie*, Conférence des Services de traduction des États européens, 2002, http://www.google.hr/url?sa=t&rct=j&q=cst+recommandations+relatives+%C3%A0+la+terminologie&source=web&cd=1&ved=0CCEQFjAA&url=http%3A%2F%2Fwww.bk.admin.ch%2Fdokumentation%2Fsprachen%2F05078%2Findex.html%3Flang%3Dfr%26download%3DM3wBPgDB_8ull6Du36WenojQ1NTTjaXZnqWfVp7Yhmfhnapmmc7Zi6rZnqCkkIN1gXyCbKbXrZ6lhuDZz8mMps2gpKfo&ei=uzyUUNLTMe_74QTVnIGoCg&usg=AFQjCNH34p-v0VICyCOcYpt_TD8O_tmqkw&cad=rja (page consultée le 11 juillet 2013)
- Ćuk, Mario. « Utjecaj nedostatne aktivnosti S-adenozilhomocistein hidrolaze na metilaciju protein«, http://medlib.mef.hr/1900/1/Cuk_M_disertacija_rep_1900.pdf (page consultée le 24 septembre 2013).
- Dokleja, M. « Računalne metode u istraživanju nekodirajuće RNA », http://complex.zesoi.fer.hr/data/Seminar_2007_Dokleja_Racunalne_metode_u_istrazivanju_nekodirajuce_RNA.pdf (page consultée le 22 septembre 2013)
- Dot, Odile. « La terminologie, noms et notions », *Communication et langages*, vol. 45, n° 1 (1980), http://www.persee.fr/web/revues/home/prescript/article/colan_0336-1500_1980_num_45_1_1380 (page consultée le 11 juillet 2013).
- Fillion, Guillaume. « Les protéines se liant à l'ADN méthylé : interprètes du code épigénétique », *Médecine/Sciences* 2004 ; 20 : 7-8, <http://www.erudit.org/revue/ms/2004/v20/n1/007510ar.html?vue=resume> (page consultée le 6 janvier 2013).
- Gall Trošel, K., Novak Kujundžić, R., Grbeša. I. « Epigenetika i fiziologija gena », <http://hrcak.srce.hr/38807> (page consultée le 8 mars 2013).
- Gouadec, Daniel. « Terminologie, traduction et rédaction spécialisées », *Langages*, 39e année, vol. 39, n° 157 (2005), http://www.persee.fr/web/revues/home/prescript/article/lgge_0458-726x_2005_num_39_157_971 (page consultée le 11 juillet 2013).
- Gouadec, Daniel. *Terminologie : Constitution des données*, Paris : AFNOR, 1990, http://www.gouadec.net/publications/Terminologie_ConstitutionDonnees.pdf (page consultée le 11 juillet 2013).
- *Initerm.net*, « Onomasiologie et sémasiologie », <http://www.initerm.net/post/2008/10/19/Onomasiologie-et-semasiologie> (page consultée le 11 juillet 2013).

- Jerman, Marija-Biserka [ur.] « Pregled tehničke literature i dokumentacije », http://hrcak.srce.hr/index.php?show=clanak&id_clanak_jezik=108913 (page consultée le 22 septembre 2012).
- *Le Pavel*, didacticiel de terminologie, <http://www.btb.termiumplus.gc.ca/didacticiel-tutorial/lecon-lesson-1/index-fra.html> (page consultée le 11 juillet 2013)
- L'Homme, Marie-Claude. *La terminologie : principes et techniques*, Montréal: Les Presses de l'Université de Montréal, 2004, http://books.google.hr/books?id=w222vwf6Mo0C&printsec=frontcover&hl=hr&source=gbs_ge_summary_r&cad=0#v=onepage&q&f=false (page consultée le 11 juillet 2013).
- Locker, Daniel. « L'épigénétique ou Lamarck pourrait-il avoir raison? », <http://daniel.locker.perso.sfr.fr/article%20vulgarisation/resume%20Darwincor2612010.pdf> (page consultée le 29 novembre 2012).
- Marlow, Sally. « Epigenetika u psihijatrijskim poremećajima: vodič za početnike », <http://www.hkld.hr/news.php?extend.1078> (page consultée le 8 mars 2013).
- Morange, Michel. « Quelle place pour l'épigénétique ? », *Médecine/Sciences* 2005 ; 21 : 367-369, <http://www.medecinesciences.org/articles/medsci/pdf/2005/04/medsci2005214p367.pdf> (page consultée le 29 novembre 2012).
- Nakos-Aupetit, Dorothy. « Réflexions sur la terminologie », *Meta : journal des traducteurs*, vol. 25, n°2 (juin 1980), <http://www.erudit.org/revue/meta/1980/v25/n2/001925ar.html?vue=resume> (page consultée le 11 juillet 2013)
- Paris, Robert. « Qu'est-ce que l'épigénétique ? », <http://www.matierevolution.org/spip.php?article2260> (page consultée le 6 janvier 2013).
- Pavel, Silvia et Nolet, Diane. *Précis de terminologie*, Hull : Bureau de la traduction, 2001, <http://www.btb.gc.ca/publications/documents/termino-fra.pdf> (page consultée le 11 juillet 2013).
- Pavlica, Mirjana. *Genetika*, Web udžbenik, 17. Regulacija genske ekspresije u eukariota, <http://www.genetika.biol.pmf.unizg.hr/impresum.html> (page consultée le 20 mars 2013).
- Pavlica, Mirjana. *Genetika*, Web udžbenik, 18. Citoplazmatsko nasljeđivanje, <http://www.genetika.biol.pmf.unizg.hr/impresum.html> (page consultée le 20 mars 2012).
- Puljak, Ana. « Epigenetika - kako naše ponašanje utječe na gene i na zdravlje naših potomaka? », <http://www.stampar.hr/Default.aspx?art=2211> (page consultée le 8 mars 2013).

- Ray Gallet, Dominique. « Variations sur le thème du « code histone », *Médecine/Sciences* 2005 ; 21 : 384-389, <http://www.synergiescanada.org/fr/journals/erudit/ms34/ms878/010772ar> (page consultée le 6 janvier 2013).
- Rosier, Florence. « L'épigénétique, l'hérédité au-delà de l'ADN », http://www.lemonde.fr/sciences/article/2012/04/13/l-epigenetique-une-heredite-sans-adn_1684720_1650684.html (page consultée le 6 avril 2013).
- Salkić, B. « Zašto se geni mogu isključiti i uključiti ? », <http://biologija.com.hr/modules/AMS/article.php?storyid=8169> (page consultée le 23 septembre 2013).
- Santos, Isabel. « L'ADN n'est plus le seul maître de l'hérédité », <http://www1.rfi.fr/fichiers/mfi/sciencetechnologie/924.asp> (page consultée le 29 novembre 2012).
- Vézina, Robert et coll. *La rédaction des définitions terminologiques*, Québec : Office québécois de la langue française, 2009, 13, http://www.oqlf.gouv.qc.ca/ressources/bibliotheque/terminologie/redaction_def_terminologiques_2009.pdf (page consultée le 11 juillet 2013).
- Zafio, Massiva N. « L'arbre de domaine en terminologie », *Meta : journal des traducteurs*, vol. 30, n° 2 (juin 1985), <http://www.erudit.org/revue/meta/1985/v30/n2/004635ar.html> (page consultée le 11 juillet 2013).

- dictionnaires :

- *L'internaute, Dictionnaire de la langue française*, <http://www.linternaute.com/dictionnaire/fr/>
- *Larousse, Dictionnaire français*, <http://www.larousse.com/en/dictionaries/french/>

- encyclopédies :

- *Encyclopédie Larousse*, <http://www.larousse.fr/encyclopedie/>