

✓ BIBLIOGRAPHIE

F. Parcy, **La floraison**, *Biologie végétale : croissance et développement*, sous la direction de J.F. Morot-Gaudry et R. Prat, vol. 2, chap. 6, pp. 157-181, Dunod, 2009.

S.D. Michaels, **Flowering time regulation produces much fruit**, *Curr. Opin. Plant Biol.*, vol. 12, pp. 75-80, 2009.

A. Giakountis et G. Coupland, **Phloem transport of flowering signals**, *Curr. Opin. Plant Biol.*, vol. 11, pp. 687-694, 2008.

J.A.D. Zeevaart, **Leaf-produced floral signals**, *Curr. Opin. Plant Biol.*, vol. 11, pp. 541-547, 2008.

Y. Kobayashi et D. Weigel, **Move on up, it's time for change**, *Genes & Dev.*, vol. 21, pp. 2371-2384, 2007. <http://genesdev.cshlp.org/content/21/19/2371.full>

✓ SITES WEB

L. Taiz et E. Zeiger, *A Companion to Plant Physiology* <http://4e.plantphys.net/index.php>

La durée du jour influe sur la floraison. Diverses protéines sont impliquées, dont les principales sont la protéine Constans (CO, en marron), la protéine FT (en rouge) et la protéine FD (en vert). La quantité de l'ARN messager de la protéine CO dans les cellules des feuilles évolue en fonction du rythme circadien : l'ARN est synthétisé durant la nuit et en fin d'après-midi, mais pas dans le reste de la journée (courbe a). Plus il y a d'ARN messager, plus la protéine correspondante, CO, est synthétisée. Toutefois, cette protéine est stable à la lumière, alors qu'elle est dégradée dans l'obscurité. En fin d'après-midi (b), la quantité de protéines CO stables devient suffisante pour activer le gène FT, qui code la protéine FT (c). Celle-ci passe alors, par de petits canaux présents dans les parois cellulaires, dans les tubes criblés du phloème (d), qui véhiculent la sève. Elle est alors transportée dans la tige jusqu'aux cellules du méristème apical (e). Là, elle se lie à une autre protéine, nommée FD (f). Ensemble, ces deux protéines activent une série de gènes codant des protéines qui construisent le bouton floral, d'où sortira la fleur.

floraison. Une plante qui en est privée fleurit tardivement. Si au contraire, on lui fait produire par transgénèse une grande quantité de cette protéine, elle fleurit quasi instantanément après la germination en ne produisant qu'une ou deux feuilles ! La protéine FT est un puissant inducteur de la floraison.

D'autres recherches ont montré que la protéine CO stimule la synthèse de la protéine FT dans la feuille, en provoquant la transcription du gène correspondant. La grande différence entre les deux molécules, c'est que la première ne provoque la floraison que si elle est produite dans la feuille. Même si l'on force sa synthèse dans la pointe de la tige, la plante ne fleurit pas. Au contraire, la seconde, FT, déclenche la floraison lorsqu'on active son expression dans la feuille aussi bien que dans le méristème apical de la tige.

Le florigène : un rôle universel ?

Des deux molécules, la protéine FT semblait donc la meilleure candidate au titre de florigène. Restait à identifier la nature de la substance qui voyage dans la sève : est-ce l'ARN messager codant FT, la protéine elle-même, ou une autre molécule ?

Des chercheurs avaient observé, en couplant la protéine FT à une protéine fluorescente, qu'elle se déplace dans la sève. En 2007, l'équipe de Markus Schmid, de l'Institut Max Planck de Tübingen, montre que si l'on inhibe cette migration en attachant la protéine FT à une grosse protéine, on l'empêche d'agir depuis la feuille, mais pas depuis le méristème. Et dès que l'on fournit à la plante une enzyme qui détache FT de cette grosse protéine, elle agit de nouveau depuis la feuille. C'était la preuve que le florigène est bien la protéine FT.

On a ensuite décrypté son mode d'action : une fois arrivée dans la pointe de la tige, elle s'associe à un facteur de transcription (nommé FD, *flowering locus D*) et déclenche ainsi l'expression de la cascade des gènes et des protéines qui vont bâtir le bouton floral d'où surgira la fleur.

D'après les recherches menées jusqu'à présent, le rôle de la protéine FT semble universel chez les plantes à fleurs : par exemple, celle du tabac fait fleurir la tomate, celle de l'arabette fait fleurir le peuplier. Ses effets sur la floraison du peuplier sont doublement spectaculaires.

Un arbre a normalement une phase juvénile, qui dure 10 à 15 ans : bien que les conditions soient favorables chaque année au printemps, il croît sans jamais fleurir. Après cette phase sans fleurs, la floraison se produit chaque année. Or si l'on augmente par transgénèse la quantité de protéine FT dans des plantules de peupliers, la floraison se produit au bout de quatre à cinq semaines ! C'est ce qu'a montré en 2006 le groupe d'Ove Nilsson, de l'Université d'Umea, en Suède. De quoi accélérer l'étude de l'amélioration des arbres par croisements entre variétés, peu avancée en raison du temps très long qui sépare deux générations. Qui plus est, il n'est pas nécessaire d'avoir recours à la transgénèse : pour provoquer la floraison, il devrait suffire de greffer une branche qui produit de grandes quantités de protéine FT, si l'on extrapole les résultats obtenus avec l'arabette des Dames et la tomate.

La deuxième surprise est venue quand des arbres transgéniques synthétisant beaucoup de protéine FT ont été cultivés en jours courts. Dans ces conditions, un arbre normal se comporte comme à l'automne : il perd ses feuilles et arrête de grandir, et des écailles protectrices se forment autour des bourgeons. Or les arbres transgéniques surproduisant FT ont continué à pousser, insensibles au changement de la photopériode. Cette expérience montre que la diminution de la quantité de florigène joue un rôle à l'automne quand les bourgeons entrent en dormance.

Pourtant, le florigène n'a pas encore livré tous ses secrets. Des études indiquent que le saccharose ou certaines hormones végétales sont d'autres facteurs mobiles capables de déclencher la floraison. Ils jouent sans doute un rôle complémentaire de celui de la protéine FT. Quoi qu'il en soit, les découvertes récentes sur la biologie de la floraison sont ainsi allées au-delà des espérances. Leurs applications potentielles sont nombreuses. Par exemple, en maîtrisant la floraison, on pourrait étendre les territoires de culture pour faire face à la demande grandissante. Il faudrait pour cela que les mécanismes découverts chez les plantes modèles soient généralisables aux différentes espèces cultivées. Les premières études semblent montrer que c'est effectivement le cas, l'évolution étant souvent plus prompte à ajuster des mécanismes existants qu'à en inventer de nouveaux. ■

Vivre dans des milieux



Ron Gilg/Peter Arnold, Inc.

hypersalés



1. LE LAC ROSE, au Sénégal, tient sa couleur des micro-organismes qu'il abrite, des archées qui prolifèrent dans son eau surchargée en sel.

Les haloarchées, des micro-organismes unicellulaires vivent, depuis des centaines de millions d'années, dans des milieux où la concentration en sel est parfois égale à dix fois celle de l'eau de mer !

Shiladitya DasSarma

Vus du ciel, le lac Rose au Sénégal ou les étangs de la baie de San Francisco, aux États-Unis, ressemblent à des mosaïques de rouges et de violets (voir la figure 1). D'où viennent ces couleurs étonnantes ? Elles sont dues à des micro-organismes unicellulaires qui prospèrent dans ces eaux riches en sel, les archées halophiles, ou haloarchées. De quoi s'agit-il ?

Les archées, comme les bactéries, sont des procaryotes, c'est-à-dire des micro-organismes unicellulaires dépourvus de noyau. La distinction entre archées et bactéries est récente, elle date de 1977, quand Carl Woese, de l'Université de l'Illinois, à Urbana-Champaign, a mis en évidence des différences notables. Ainsi, les archées se distinguent des bactéries par des caractéristiques moléculaires proches de celles des eucaryotes, organismes dont les cellules sont pourvues d'un noyau comme les levures, les plantes ou les humains. Depuis, le vivant est divisé en trois règnes : les archées, les bactéries et les eucaryotes. Grâce aux archées, l'universalité du code génétique a été définitivement prouvée, car les trois règnes utilisent le même, à quelques petites variations près. Ce code, qui permet de stocker dans les gènes l'information nécessaire à la fabrication des protéines, est le même pour tous les organismes vivants !

Parmi les archées, les haloarchées sont à part : elles sont dites extrémophiles, car elles vivent dans des conditions extrêmes, en l'occurrence les milieux très riches en sel. Elles ont besoin d'une concentration minimale de 90 grammes de sel par litre d'eau pour croître et on les trouve dans les

poches de saumure profondément enfouies dans le sol, qui atteignent parfois une concentration de 340 grammes de sel par litre d'eau ! Rappelons que la mer contient en moyenne 35 grammes de sel par litre. Cependant, contrairement à la majorité des autres organismes extrémophiles telles les bactéries qui ne vivent que dans des environnements bien particuliers, les haloarchées résistent à un grand nombre de conditions : elles vivent habituellement en présence d'oxygène, mais supportent son absence ; elles peuvent devenir phototrophes et utiliser l'énergie lumineuse ; elles survivent à des variations de température, d'acidité et de concentration en ions métalliques. Elles résistent aussi à la dessiccation et aux rayonnements ionisants. En outre, les archées halophiles sont aisément cultivables en laboratoire : saupoudrez-les dans de l'eau de mer, et le tour est joué !

Les haloarchées sont des cellules de formes très diverses. Par exemple, *Halobacterium* NRC-1, l'organisme dont il sera surtout question dans cet article, est une cellule ronde remplie de petites vésicules de gaz (voir la figure 2). Lorsqu'elle est mise en culture, la solution devient rapidement rose vif. Cette archée contient en effet des pigments spécifiques qui confèrent sa couleur à la solution. Ces pigments sont en partie regroupés dans une membrane cellulaire modifiée nommée « membrane pourpre ». À l'instar des bactéries, les



2. HALOBACTERIUM NRC-1, observée ici au microscope électronique à transmission, est dotée de vésicules de gaz grâce auxquelles la cellule flotte et peut ainsi gagner des eaux de surface où elle peut capter plus de lumière.

haloarchées n'ont pas de noyau, et leur ADN « flotte » à l'intérieur de la cellule.

Les haloarchées sont donc originales à plusieurs titres. L'étude de leur génome a révélé des propriétés étonnantes et a éclairci en partie le mystère de leur origine. Désormais, on comprend mieux comment ces micro-organismes survivent dans des milieux aussi divers que les cheminées hydrothermales ou les marais salants dépourvus d'oxygène.

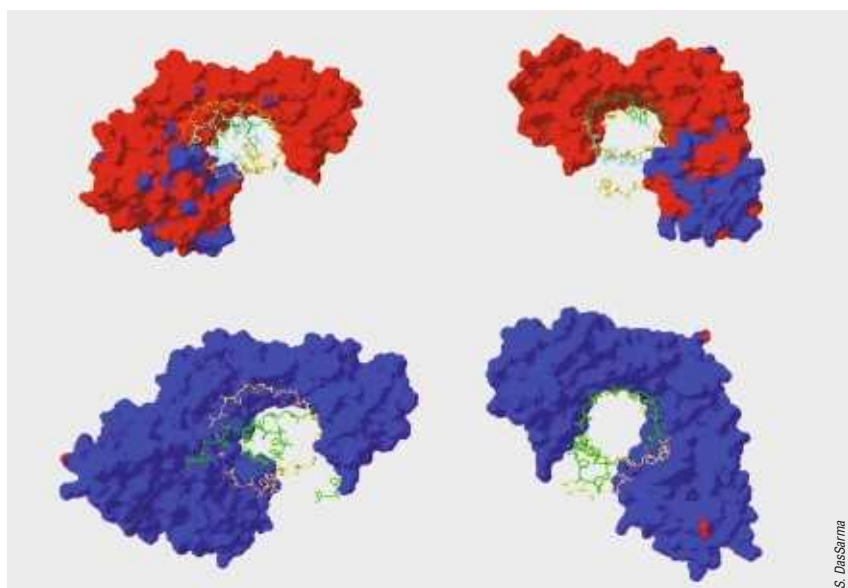
Halobacterium NRC-1 fut la première haloarchée (et l'une des toutes premières archées) dont on a étudié le génome. NRC-1 est à maints égards une haloarchée type, largement répandue dans les milieux hypersalins. Le génome de cette espèce est spontanément instable, de sorte que des voies métaboliques entières sont parfois modifiées.

Quand l'ADN parle...

Cette curiosité s'explique par la présence d'un grand nombre d'éléments génétiques mobiles, similaires aux « gènes sauteurs » (ou transposons) décrits par la généticienne Barbara McClintock chez le maïs. Les transposons sont des fragments d'ADN qui se détachent, se multiplient et s'insèrent au hasard en d'autres endroits du génome. De la sorte, ils bouleversent le fonctionnement de certains gènes, par exemple en augmentant leur expression ou en la diminuant. Ce sont des éléments essentiels dans l'évolution des génomes, car ils sont source de nouveauté. C'est la première fois que de tels éléments ont été découverts chez une archée.

Nos études ont montré que le génome de NRC-1 est constitué d'un grand chromosome circulaire, et de deux petits brins d'ADN également circulaires, des plasmides nommés pNRC100 et pNRC200. Outre des séquences communes, ces plasmides contiennent beaucoup de transposons, des motifs répétés qui peuvent déplacer des fragments de plasmide et donc en modifier l'expression. Environ 40 gènes de ces plasmides coderaient des protéines indispensables, notamment les enzymes de la synthèse de l'ADN et de l'ARN. La cellule ne pouvant fonctionner sans ces gènes, les plasmides pNRC sont des minichromosomes plutôt que des plasmides, qui sont par définition non essentiels.

Nous fûmes surpris de découvrir que les 2 630 protéines de *Halobacterium* NRC-1 sont en moyenne beaucoup plus



3. LA FORME D'UN COMPLEXE PROTÉIQUE (constitué de deux protéines, TBP et TFB) se liant à l'ADN est semblable chez *Halobacterium* NRC-1 (en haut) et chez *Homo sapiens* (en bas), même après plusieurs millions d'années d'évolution divergente. Cependant, les charges électriques de surface sont distinctes : le rouge indique les charges négatives des régions protéiques acides, tandis que le bleu correspond aux charges positives des parties basiques.

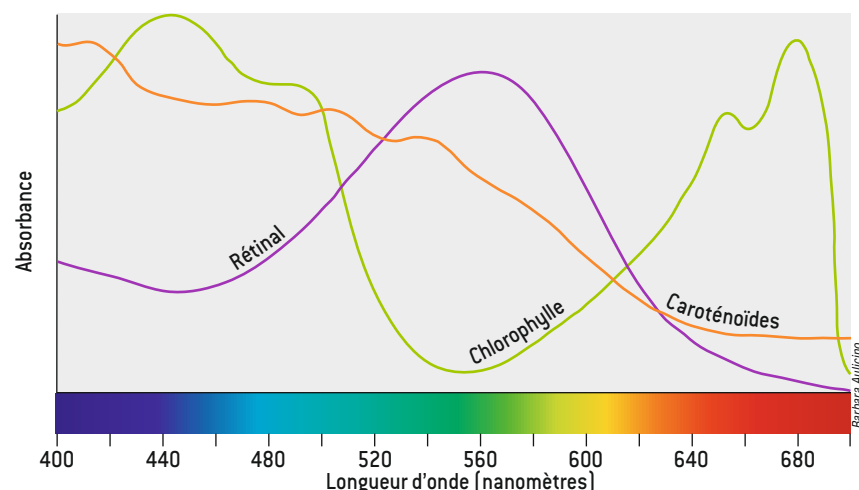
acides que celles d'autres organismes (voir la figure 3). Le point isoélectrique moyen (une mesure de l'acidité) de ces protéines n'est que de 4,9 alors que chez presque toutes les autres espèces d'haloarchées il est proche de 7. Or le radical de telles protéines acides porte des charges négatives qui devraient repousser d'autres molécules chargées négativement dans la cellule, tels l'ADN et l'ARN. Dès lors, comment les protéines de la réplication, par exemple, peuvent-elles se lier à l'ADN ? Peut-être grâce à des ions positifs qui s'intercalent entre les deux molécules.

Pourtant, l'acidité des protéines de *Halobacterium* NRC-1 est essentielle. En effet, puisque des protéines chargées négativement se repoussent, elles ne précipitent pas dans les conditions où des protéines neutres le feraient. Ces haloarchées ont donc besoin de protéines extrêmement acides pour maintenir leurs fonctions cellulaires dans un environnement sursaturé en sel.

Le séquençage du génome de *Halobacterium* NRC-1, en 2000, a modifié nos connaissances sur l'histoire évolutive des haloarchées. Bien que ces résultats aient confirmé l'appartenance de NRC-1 à la lignée des archées, l'analyse phylogénétique classique est impossible... En effet, les biologistes utilisent le gène d'un ARN dit 16S comme marqueur de l'évolution pour comparer les espèces. Or celui de *Halobacterium* NRC-1 est unique en son genre, si divergent des autres qu'il n'autorise aucune comparaison.

Pour contourner cet obstacle phylogénétique, nous avons comparé la totalité du génome de NRC-1 à quelques autres génomes microbiens disponibles. Nous avons ainsi mis en évidence des similitudes entre *Halobacterium* NRC-1 et deux bactéries (*Bacillus subtilis* et *Deinococcus radiodurans*). Toutefois cette étude est restée sans suite, et nous avons eu la surprise de constater quelques années plus tard que la position de *Halobacterium* sur l'arbre du vivant semblait se déplacer, soit vers la branche des archées, soit, de façon surprenante, vers une branche des bactéries... (voir la figure 6).

Ce nouvel emplacement était en désaccord avec les analyses précédentes qui faisaient de *Halobacterium* une archée. Pourtant, des travaux ont montré que NRC-1 contenait presque autant de gènes bactériens que de gènes d'archées. Une explication possible est qu'au fil du temps, les archées halophiles ont acquis de nombreux gènes



4. LES CAROTÉNOÏDES protègent les micro-organismes de la lumière violette et ultraviolette en les absorbant (en orange). Ils réfléchissent la lumière rouge orangée, ce qui donne aux salines leurs nuances écarlates. Le rétinol absorbe la lumière verte et réfléchit les lumières rouge et violette, ce qui lui donne une couleur pourpre (en violet). Complémentaire du rétinol, la chlorophylle absorbe le bleu et le rouge et réfléchit le vert (en vert).

d'espèces bactériennes non apparentées, selon un processus nommé transfert horizontal de gènes. Il s'agit du passage d'un morceau d'ADN d'un organisme à un autre de la même espèce ou non. Grâce au transfert horizontal, un organisme vivant se dote de nouveaux gènes.

Une étonnante protéine

Cette hypothèse est étayée par plusieurs observations. Ainsi, les gènes autorisant le métabolisme aérobie (en présence d'oxygène) chez *Halobacterium* sont arrangés de la même façon que ceux de la bactérie *Escherichia coli*. En outre, des gènes ribosomiaux (des gènes codant les différents éléments des ribosomes, des « machines » qui traduisent les ARN en protéines) ressemblant à ceux d'archées anaérobies (vivant sans oxygène) et des gènes métaboliques semblables à ceux de bactéries aérobies sont associés au sein du génome, indiquant que les haloarchées ont probablement « dérobé » des pièces de la machinerie respiratoire via des transferts horizontaux de gènes bactériens. Un exemple chez *Halobacterium* NRC-1 est celui du gène codant l'arginyl-ARNt synthétase (ArgS), une enzyme indispensable à la fabrication des protéines. Les cousines les plus proches de la protéine ArgS de NRC-1 sont les protéines ArgS de bactéries et non celles d'autres archées ou haloarchées. Cette situation est en accord avec l'histoire de NRC-1, dont les ancêtres présumés

L'ESSENTIEL

✓ Les archées constituent l'un des trois règnes du vivant. Certaines, dites halophiles, se développent dans des milieux très salés.

✓ *Halobacterium* NRC-1 est l'une d'elles. Son étude révèle comment ces organismes survivent dans des milieux extrêmes. Parmi ces adaptations, citons le caractère acide des protéines.

✓ Le transfert de gènes, notamment bactériens, est une autre adaptation qui confère aux micro-organismes de nouvelles propriétés.

✓ La bactériorhodopsine est une protéine grâce à laquelle *Halobacterium* NRC-1 utilise l'énergie lumineuse dans des environnements pauvres en oxygène.

étaient des prédateurs de bactéries. Il reste que le gène original de NRC-1 a été perdu au cours de l'épisode.

Chez les haloarchées, une autre découverte importante est celle de la bactériorhodopsine. D'abord identifiée par Walther Stoeckenius, de l'Université de Californie, à San Francisco, cette protéine utilise les photons de la lumière solaire pour expulser les ions hydrogène (H^+) vers l'extérieur de la cellule, ce qui crée une différence de potentiel de part et d'autre de la membrane. Un autre groupe de protéines,

D'où vient cette protéine? Elle ressemble à la rhodopsine des mammifères, une protéine fabriquée dans les yeux où elle capte la lumière. Les deux protéines contiennent le même pigment, le rétinol, un dérivé des caroténoïdes. *Halobacterium* NRC-1 et quelques autres haloarchées ont également d'autres protéines serties de rétinol, notamment la halorhodopsine, qui pompe les ions chlorure à travers la membrane, et une rhodopsine photosensible, capable de distinguer les sources de lumière utiles et néfastes afin de modifier le comportement de nage

y a plusieurs centaines de millions d'années. Une autre hypothèse met en jeu un transfert horizontal des gènes codant ces protéines entre les haloarchées, des bactéries planctoniques et certains champignons.

La phylogénie des pigments contenant du rétinol reste peu concluante. Néanmoins, on peut postuler qu'ils ont coévolué avec des pigments à base de chlorophylle. En effet, la comparaison des spectres d'absorption de la lumière visible des pigments révèle que le rétinol et la chlorophylle sont complémentaires, c'est-à-dire non chevauchants (voir la figure 4). Selon l'hypothèse de la coévolution, deux phases de l'histoire de la vie se sont succédé sur Terre. La première phase, anaérobie, est la « phase pourpre », car les organismes vivants de cette époque captaient la lumière solaire grâce à des protéines fonctionnant au rétinol. Plus tard, des pigments plus complexes de type chlorophylle ont pu évoluer pour récolter la lumière dans des régions du spectre solaire non absorbées par les espèces préexistantes. C'est le début de la photosynthèse *stricto sensu*, et donc de l'oxygénation de l'atmosphère. Le succès de cette stratégie a conduit à la « phase verte » de l'évolution de la Terre. Ces changements auraient sonné le glas de la plupart des micro-organismes à rétinol. Selon ce scénario, le mode de production d'énergie par absorption de la lumière solaire, fondé sur le rétinol, est l'un des systèmes métaboliques les plus anciens sur Terre.

Les haloarchées résistent à de nombreuses conditions qui tueraient d'autres microbes. Par exemple, *Halobacterium* NRC-1 peut résister à un rayonnement solaire et ionisant intense, qui endommage gravement l'ADN de la plupart des organismes. En effet, NRC-1 produit d'autres pigments, les caroténoïdes, qui absorbent les particules de lumière à haute énergie tels les ultraviolets et la lumière bleue. Ces pigments réfléchissent l'orange et le rouge, ce qui explique les teintes orangées que peuvent parfois prendre les marais salants. NRC-1 fabrique également deux fois plus d'enzymes réparatrices de l'ADN que les autres archées, car elle dispose des versions bactériennes et archéobactériennes de ces protéines.

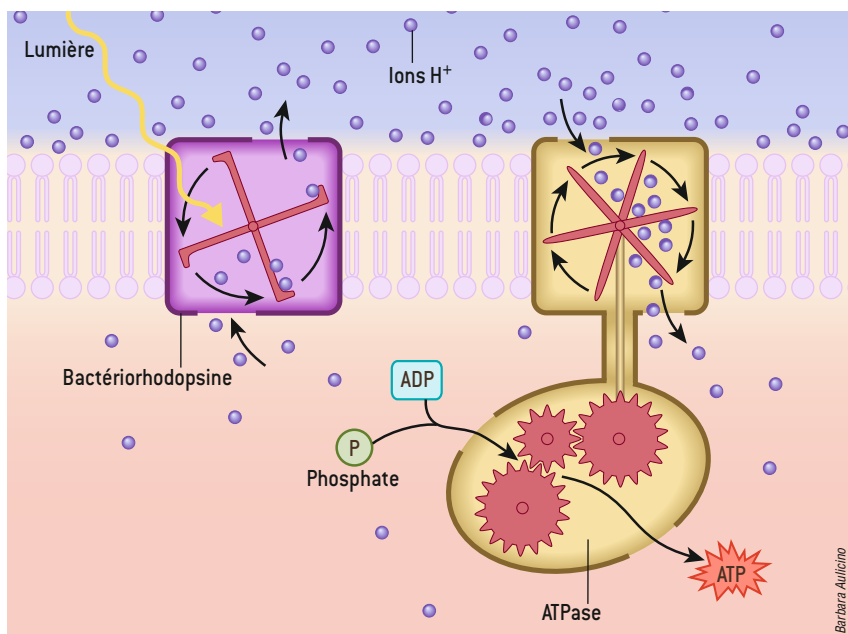
L'une de ces protéines, la photolyase, répare les dommages causés par les ultraviolets. Ces rayonnements déclenchent également la production d'une enzyme, la recombinaise, qui participe à la réparation de l'ADN en favorisant la recombinaison.

LE GÉNOME D'*HALOBACTERIUM* NRC-1 contient presque autant de gènes qui proviennent de bactéries que de gènes d'archées.

l'ATPase, capte l'énergie du flux de protons essayant de rentrer dans la cellule et crée de l'énergie utilisable par la cellule (voir la figure 5). Chez les archées, les molécules de bactériorhodopsines sont réunies dans une région de la surface cellulaire, la membrane pourpre, où elles récoltent l'énergie lumineuse dans les environnements pauvres en oxygène. Elle absorbe les longueurs d'onde dans le vert et réfléchit le bleu et le rouge, ce qui donne cette couleur pourpre ou rose aux salines.

de la cellule. Par exemple, si la quantité de lumière est trop faible, la rhodopsine déclenche la formation des vésicules de gaz: la cellule monte vers la lumière.

Les biologistes débattent sur l'histoire de ces anciennes protéines contenant du rétinol. De récentes études ont mis en évidence des protéines similaires chez de nombreuses autres bactéries et chez des eucaryotes. Par conséquent, ces protéines ont pu apparaître avant que les archées, les bactéries et les eucaryotes ne divergent, il



5. LA BACTÉRIORHODOPSINE est une protéine essentielle pour les haloarchées. De couleur pourpre, elle confère une teinte rose aux colonies d'archées halophiles. Elle utilise l'énergie lumineuse pour transporter les protons (en violet) de l'intérieur vers l'extérieur de la cellule. Grâce au flux de protons inverse, la protéine ATPase fabrique de l'ATP, la molécule qui fournit de l'énergie aux autres rouages de la cellule.

son homologue: dans ce processus, l'enzyme échange la partie détériorée d'un brin d'ADN avec le fragment équivalent d'un brin homologue intact. Une troisième enzyme, l'exonucléase, excise totalement des morceaux d'ADN endommagé.

Les rayonnements de haute énergie et la dessiccation produisent un autre type de dommage génétique, consistant en une cassure des deux brins d'ADN. La cellule irradiée réagit à cette destruction en produisant plus de protéines RecA. Cette protéine se lie à l'ADN simple brin et enclenche une cascade de réactions qui conduit à la réparation de la cassure et au retour de l'ADN sous sa forme de double hélice.

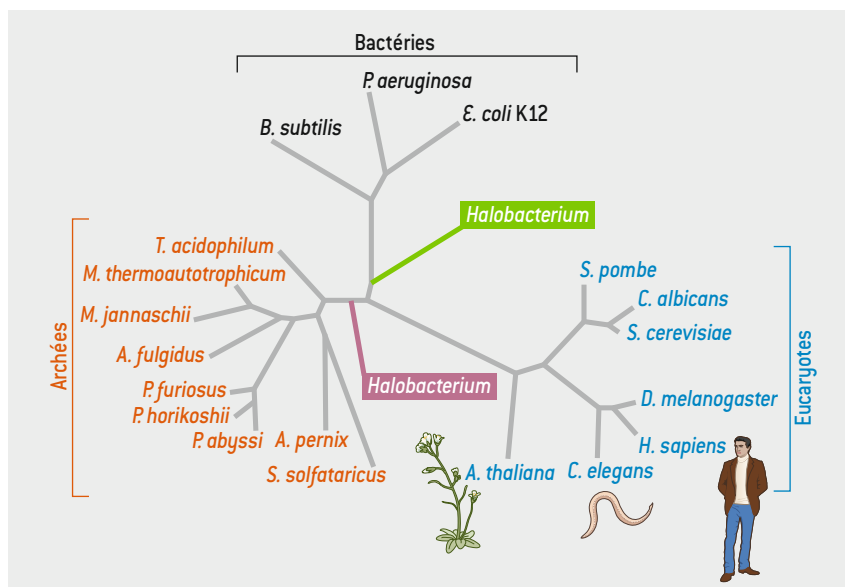
Les métaux toxiques et les concentrations fluctuantes en ions sont également des stress importants pour la cellule: *Halobacterium* NRC-1 y résiste grâce à plusieurs gènes. Par exemple, les cellules contrecarrent les effets de l'arsenic (qui bloque la production d'énergie et l'activité des protéines) en activant un groupe de gènes codant des enzymes qui modifient l'état d'oxydation du métal et le préparent à un transport actif hors de la cellule. Un autre gène ferait partie d'un second système de détoxification, qui transforme l'arsenic en une forme volatile, la triméthylarsine.

Enfin, l'une des conditions les plus stressantes pour les haloarchées est le manque ou l'absence d'oxygène, car la production d'énergie utilisant l'oxygène devient alors impossible. NRC-1 réagit de plusieurs façons. L'une d'elles consiste à élaborer des vésicules emplies de gaz grâce auxquelles les cellules flottent et rejoignent donc des zones aérobies en surface. Dans ces conditions, NRC-1 fabrique plus de bactériorhodopsine et améliore la capture de la lumière.

En avant... Mars

Cependant, en l'absence irrémédiable d'oxygène, les cellules optent pour un autre mode de conversion de l'énergie, qui utilise le diméthyle sulfoxyde produit par d'autres microbes et le triméthylamine N-oxyde produit par les poissons (dans le cas où NRC-1 vit en mer), pour effectuer la « respiration anaérobie ».

Nous ne savons pas encore comment NRC-1 régule les différents groupes de gènes en fonction de l'environnement, mais nous avons proposé un mécanisme qui explique une partie de cette complexité.



6. LA POSITION DE HALOBACTERIUM NRC-1 sur l'arbre phylogénétique pose encore des problèmes. Selon les parties du génome étudiées, le micro-organisme est soit une bactérie (en vert), soit une archée (en violet).

Nous pensons que deux facteurs de transcription généraux, TBP et TFB, agissent eux-mêmes en tant que régulateurs. Les facteurs de transcription sont des protéines qui régulent l'expression d'un gène, ce qui augmente ou diminue la quantité intracellulaire de protéine codée par ce gène. Bien que les protéines TBP et TFB soient habituellement codées chacune par un seul gène chez les archées et les eucaryotes, *Halobacterium* NRC-1 contient six gènes codant le facteur TBP et sept codant le TFB, augmentant le nombre de combinaisons possibles de TBP et TFB au cours de la transcription. Des paires spécifiques pourraient activer des ensembles de gènes destinés à travailler de concert, par le biais de séquences régulatrices trouvées près des gènes en question. Notre hypothèse est étayée par de récents travaux mettant en évidence un nouveau mécanisme régulateur de ce type chez les haloarchées.

Grâce à leur machinerie cellulaire complexe, probablement empruntée en partie à d'autres organismes, les haloarchées font preuve d'une remarquable robustesse en survivant dans des milieux pour le moins inhospitaliers. On peut même les conserver plusieurs dizaines, voire plusieurs centaines d'années dans des cristaux de sel ! Ces formidables adaptations aux milieux difficiles rappellent les conditions qui règnent sur... Mars. Alors, à quand la découverte d'une forme de vie semblable sur la planète rouge ? ■

L'AUTEUR



Shiladitya DASSARMA travaille au Centre de biotechnologie marine, à l'Université du Maryland.

Nous remercions la revue *American Scientist* de nous avoir autorisés à publier cet article.

✓ BIBLIOGRAPHIE

L. DeVeaux *et al.*, Extremely radiation-resistant mutants of a halophilic archaeon with increased single-stranded DNA binding protein (RPA) gene expression, *Radiation Res.*, vol. 168, pp. 507-514, 2007.

J. Coker *et al.*, Genetic and transcriptomic analysis of transcription factor genes in the model halophilic Archaeon: Coordinate action of TbpD and TfbA, *BMC Genetics*, vol. 8, p. 61, 2007.

S. DasSarma, Extreme halophiles are models for astrobiology, *Microbe*, vol. 1, pp. 120-12, 2006.

 LES LIMITES DE LA SCIENCE

Nourrir la planète : quelles limites ?

Dans une quarantaine d'années, la population mondiale dépassera neuf milliards de personnes. Comment les nourrir ? Ce défi se heurte à de nombreuses limites, notamment augmenter la production agricole tout en respectant l'environnement.

Entretien avec Hervé GUYOMARD, directeur scientifique à l'Institut national de la recherche agronomique, INRA.

→ Pour la Science

Dans l'histoire de l'humanité, les famines ont été fréquentes et dévastatrices.

Aujourd'hui, quelles sont les populations les plus exposées ?

→ Hervé Guyomard

Durant les dernières décennies, c'est principalement l'Afrique qui a été touchée, les épisodes de famine les plus récents étant ceux du Darfour en 2004, du Niger en 2005, du Zimbabwe aujourd'hui. En ce début du XXI^e siècle, la faim dans le monde est plus une question d'accès à l'alimentation qu'un manque de nourriture à l'échelle de la planète. C'est en premier lieu un problème de répartition déséquilibrée des ressources alimentaires qui pénalise les pays les plus pauvres.

→ Pour la Science

En laissant les famines de côté, quelle est la proportion de la population mondiale souffrant de sous-nutrition ?

→ Hervé Guyomard

Il n'y a plus de famines dans les pays développés (États-Unis, Europe, Australie, Japon, etc.). Ce constat ne doit cependant pas occulter le fait que même dans les pays dits riches, une proportion non négligeable de la population (environ dix pour cent) souffre encore, plus ou moins régulièrement, de la faim. À l'échelle mondiale, la sous-nutrition concerne essentiellement le monde en développement, notamment les pays les plus pauvres. Sur les six milliards d'habitants que compte la planète, près d'un milliard souffrent de sous-nutrition et un milliard de maladies non

transmissibles liées à une alimentation excessive ou déséquilibrée, en premier lieu l'obésité. Nous sommes face à un paradoxe, désigné sous le terme de double fléau : les pays en développement sont simultanément face à des problèmes de sous-nutrition et de surnutrition.

→ Pour la Science

La révolution verte a permis d'accroître la production agricole dans les pays en développement, surtout dans les pays asiatiques. Comment s'est passée cette transition ?

→ Hervé Guyomard

Dans les pays développés de l'Organisation de coopération et de développement économiques, l'OCDE, on associe la « révolution agricole » à la diffusion du machinisme au début du siècle dernier. Le tracteur a permis non seulement d'accroître les surfaces cultivées, mais aussi et surtout d'augmenter la productivité du travail agricole, c'est-à-dire le nombre d'hectares mis en valeur par un seul homme. La force de travail ainsi libérée a pu satisfaire les besoins de main-d'œuvre du secteur industriel alors en expansion. Les machines sont progressivement devenues de plus en plus performantes. En même temps, les progrès en matière de sélection des variétés cultivées et le recours croissant aux engrais minéraux et aux produits de traitement des cultures pour lutter contre les mauvaises herbes, champignons, ravageurs, etc., ont permis d'augmenter les rendements. En Europe et aux États-Unis, ce mouvement de modernisation et d'in-

dustrialisation de l'agriculture s'est accéléré au lendemain de la Seconde Guerre mondiale. En Asie, l'évolution fut plus tardive. Connue sous le nom de révolution verte, l'Asie est parvenue à augmenter les rendements (comme indiqué précédemment via la sélection de variétés performantes, l'emploi d'engrais et de produits de traitement des cultures, et/ou le recours à l'irrigation) ; en revanche, la mécanisation a joué ici un rôle moins important. Jusqu'à présent, l'Afrique est restée à l'écart de ce mouvement. Aujourd'hui, nous sommes confrontés à deux défis agricoles : dans les pays où les rendements sont d'ores et déjà élevés, comment maintenir les niveaux actuels de production, voire les augmenter, tout en réduisant les pressions négatives sur l'environnement liées à une utilisation souvent excessive de substances chimiques ? Dans les pays en développement, plus particulièrement en Afrique, comment accroître la production et protéger les ressources naturelles ?

→ Pour la Science

Existe-t-il des espèces végétales particulièrement adaptées pour répondre à ce défi ?

→ Hervé Guyomard

Très peu d'espèces cultivées – environ une trentaine – assurent l'essentiel de notre nourriture. En outre, le nombre d'espèces cultivées a tendance à diminuer, de même que le nombre de variétés au sein de chaque espèce. Les céréales viennent en tête avec un total mondial d'un peu plus de deux milliards de tonnes (essentiellement