

de la longueur d'onde du laser au rayon du proton. Beaucoup de physiciens ont spéculé sur les erreurs ou omissions dans ces calculs. De nombreux théoriciens ont donc refait ces derniers et les ont étendus, mais n'ont pu y déceler d'erreur.

D'autres ont reconsidéré la façon dont J. Bernauer extrapolait le rayon à partir de ses données de diffusion d'électrons par les atomes d'hydrogène. Serait-il possible de concilier les données brutes avec le rayon plus faible donné par l'hydrogène muonique ? Il semble que cette solution ait également dû être écartée.

Pas d'explications...

À chaque échec d'une nouvelle explication, l'impact de la divergence se renforçait. Quatre ans après l'émergence de l'énigme du rayon du proton, les physiciens ont épuisé les explications simples, telles qu'erreurs de mesure ou de calcul. Nous nous prenons maintenant à rêver à des possibilités plus passionnantes.

Par exemple, comprenons-nous vraiment comment le proton réagit quand le muon l'attire ? La force électrostatique du muon déforme le proton, un peu comme la gravité de la Lune ou du Soleil entraîne les marées sur Terre. La déformation du proton modifie légèrement l'état $2S$ de l'hydrogène muonique. La plupart des physiciens pensent que cet effet est bien compris, mais le proton est un système tellement complexe qu'il se peut que nous soyons passés à côté de quelque phénomène.

La possibilité la plus intéressante est que les mesures discordantes du rayon du proton soient le signe d'une nouvelle physique, allant au-delà du Modèle standard de la physique des particules. Peut-être l'Univers contient-il une particule ayant jusqu'ici échappé à la détection et qui, pour une raison ou une autre, confère aux muons un comportement différent de celui des électrons ? Les scientifiques explorent cette option, mais ils ont bien du mal à modéliser une nouvelle particule qui ne produise pas, par ailleurs, des effets observables en désaccord avec les résultats d'autres expériences.

En outre, les physiciens ont déjà une autre énigme à résoudre concernant les muons. Les particules élémentaires telles que les muons et les électrons ont un « moment magnétique », grandeur qui caractérise leur comportement dans un champ magnétique. Or ce qui est aussi curieux qu'intéressant,

Le déplacement de Lamb

En 1947, à l'Université Columbia, Willis Lamb Jr. (prix Nobel en 1955) et son étudiant Robert Retherford ont mesuré que l'énergie de l'état électronique noté $2S_{1/2}$ de l'atome d'hydrogène est légèrement supérieure à celle de l'état $2P_{1/2}$ (pour l'hydrogène muonique, c'est l'inverse, et l'écart est plus grand). Or d'après l'équation de Dirac de la mécanique quantique relativiste, ces deux états devaient avoir strictement la même énergie.

Cet effet, le *Lamb shift* ou « déplacement de Lamb » du niveau $2S_{1/2}$, a été expliqué dans le cadre de l'électrodynamique quantique, où les calculs mettent en jeu des particules virtuelles échangées lors des interactions. Une contribution au déplacement de Lamb, identifiée plus tardivement, est due à la taille non nulle du proton.

c'est que la valeur expérimentale du moment magnétique du muon ne correspond pas tout à fait à celle calculée avec l'électrodynamique quantique. Peut-être de nouveaux phénomènes physiques expliqueront-ils tant les deux valeurs obtenues pour le rayon du proton que le moment magnétique anormal du muon.

Pour mettre fin à ces spéculations, plusieurs nouvelles expériences ont été proposées. Au moins deux d'entre elles (l'une à l'Accélérateur américain Thomas Jefferson de Newport News, en Virginie, et l'autre à l'accélérateur Mainz Microtron, ou MAMI, de l'Université Johannes Gutenberg de Mayence) visent à améliorer la précision des précédentes expériences de diffusion. Ces mesures fourniront une vérification indépendante, et testeront certaines des explications proposées.

L'équipe de R. Pohl comme celle de Mayence explorent l'idée de mesurer le rayon du deutéron (le noyau de deutérium, formé d'un proton et d'un neutron) pour voir si une différence apparaît là aussi. R. Pohl effectuera également des mesures sur l'hydrogène ordinaire avec une meilleure précision.

Diffusion de muons ?

En outre, de nombreux physiciens ont fait observer que l'on a effectué des mesures atomiques en utilisant à la fois des muons et des électrons, mais que les expériences de diffusion n'ont été réalisées qu'avec des électrons. Il manque donc des expériences de diffusion de muons par des protons. J. Bernauer est impliqué dans un projet visant à combler cette lacune. En utilisant un des faisceaux de muons de l'Institut Paul Scherrer (où l'équipe de R. Pohl a effectué son expérience), l'expérience MUSE (*Muon-Proton Scattering Experiment*, expérience de diffusion muon-proton) consistera à faire diffuser à la fois des électrons et des muons sur des protons, afin d'effectuer une comparaison directe. Avec les résultats de MUSE, les physiciens seront en mesure de vérifier certaines des explications les plus viables parmi celles proposées.

Le temps nous dira si l'énigme du rayon du proton est élucidée par la simple détection d'une erreur improbable, ou si elle ouvre la voie à une compréhension plus profonde du monde des particules. C'est peut-être juste le fil à tirer pour démêler le chapitre suivant du livre de la nature. Tirons-le. ■

■ BIBLIOGRAPHIE

R. Pohl et al., *Muonic hydrogen and the proton radius puzzle*, *Annual Review of Nuclear and Particle Science*, vol. 63, pp. 175-204, octobre 2013.

J. C. Bernauer et al., *High-precision determination of the electric and magnetic form factors of the proton*, *Physical Review Letters*, vol. 105, article 242001, 2010.

R. Pohl et al., *The size of the proton*, *Nature*, vol. 466, pp. 213-216, 2010.

Les pérégrinations du pommier domestique

Héloïse Giraud, Amandine Cornille et Tatiana Giraud

Issu d'un pommier sauvage des montagnes du Kazakhstan, le pommier domestique s'est répandu le long de la route de la soie jusqu'en Europe. Sa diversité est en partie due aux échanges de gènes avec les pommiers sauvages des régions traversées.

Reinette étoilée, Chantecler, Antarès, Belle de Pontoise, Richard, Choupette, Cabassou, Pomme d'api... Rien qu'en France, plus de 300 variétés de pommes sont autorisées à la culture. Elles sont plus de 11 000 à être cultivées dans le monde.

Malgré l'immense diversité des variétés domestiques, ou « cultivars », disponibles, la production de pommes à l'échelle industrielle dans le monde n'est plus fondée que sur la culture de quelques dizaines de cultivars d'ornement ou comestibles. Cette perte de diversité est d'autant plus inquiétante que, simultanément, la consommation de ces fruits augmente (la pomme est le troisième fruit le plus consommé au monde, après les agrumes et les bananes) et, avec elle, le nombre de leurs exploitations agricoles, avec une conséquence préoccupante : on a récemment découvert des gènes de pommiers domestiques dans le génome de pommiers sauvages. Or ces derniers sont une source de diversité importante pour l'amélioration variétale du pommier domestique, car ils sont naturellement résistants à nombre de maladies. Cette hybridation pourrait faire disparaître ce réservoir naturel de gènes.

Pour mieux comprendre comment favoriser la diversité des pommiers domestiques et maintenir celle des pommiers sauvages, les biologistes étudient l'histoire de la domestication du pommier. En décryptant, *via* la comparaison des génomes des pommiers domestiques et sauvages, les différentes étapes de cette domestication, ils espèrent mieux saisir leurs liens et en déduire des méthodes pour améliorer les variétés cultivées tout en protégeant le réservoir génétique sauvage.

Domestiqué dans les montagnes du Kazakhstan

De façon plus générale, l'histoire de la domestication du pommier constitue un modèle intéressant pour comprendre la domestication des plantes ligneuses et pérennes, c'est-à-dire des plantes qui, tels les arbres fruitiers, synthétisent du bois et vivent plusieurs années. Jusqu'à présent, les études sur la domestication ont surtout porté sur les plantes herbacées annuelles

L'ESSENTIEL

- La diversité des pommiers domestiques est menacée.
- Pour comprendre comment contrer cette tendance, les biologistes étudient l'histoire de la domestication du pommier.
- En comparant le génome de différentes variétés de pommiers cultivés et de pommiers sauvages, ils établissent leur histoire évolutive.
- Domestiqué en Asie il y a plus de 4 000 ans, le pommier se serait hybridé plusieurs fois avec des pommiers sauvages au gré de son périple jusqu'en Europe.

© Nithira Olga/Shutterstock.com



(sans bois et se reproduisant sur une année), telles que le maïs, le blé ou l'orge.

Or la domestication des plantes ligneuses n'a rien à voir avec celle des plantes herbacées. Les arbres présentent de longs temps moyens entre deux générations : la période juvénile (qui précède la première floraison) est par exemple de dix ans en moyenne au sein du genre *Malus*, qui regroupe les espèces de pommiers dans la classification des plantes. De plus, une grande partie des plantes ligneuses doivent s'interféconder : des mécanismes empêchent l'autopollinisation d'un arbre ou favorisent la fécondation croisée – et par là même le brassage génétique.

En raison de ces caractéristiques, il est difficile de sélectionner des caractères intéressants pour l'homme. Le développement des techniques de greffage, bouturage ou drageonnage (reproduction à partir de pousses nées sur une plante) a eu un rôle critique dans la propagation du pommier cultivé à travers le monde, en permettant de répliquer à l'identique l'information génétique (le génotype) de certains pommiers individuels. Mieux comprendre les mécanismes mis en œuvre lors

de ces pratiques devrait aider à améliorer la culture d'autres plantes ligneuses telles que la vigne ou l'olivier.

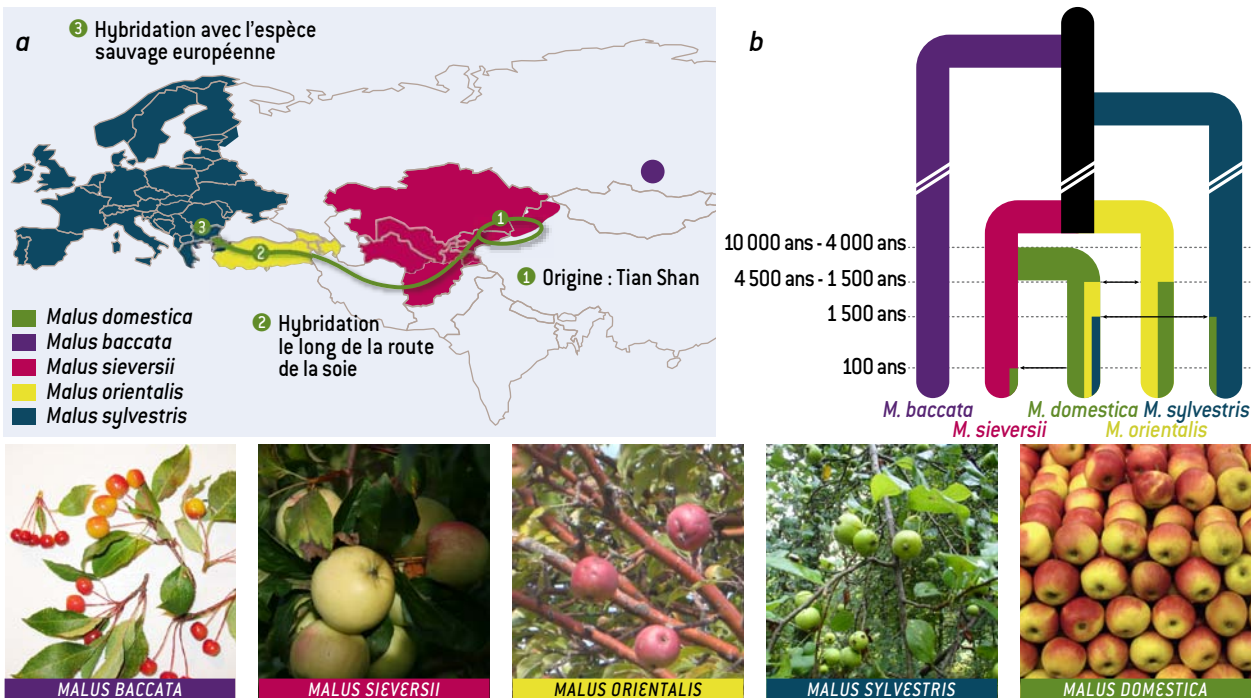
Le genre *Malus* comprend entre 10 et 100 espèces dont la plupart ne sont pas consommées. Leur nombre est incertain, car, jusque récemment, les espèces étaient identifiées à partir de leurs seuls caractères morphologiques. Aujourd'hui, ces critères sont de plus en plus complétés par des considérations génétiques. Une seule espèce du genre *Malus* est domestiquée, nommée *Malus domestica*. Absente du milieu naturel, elle est produite partout dans le monde, notamment en Europe, en Russie, au Japon, au Maghreb et au Canada.

D'où provient-elle ? La domestication est un processus continu et dynamique : on commence par exploiter des individus sauvages, puis on cultive des individus sélectionnés en environnement naturel, mais non encore différenciés des sauvages. Ce processus s'achève par la fixation, sous l'action de la sélection par l'homme, d'un « syndrome de domestication » – des changements génétiques, physiologiques, morphologiques et développementaux

pérennes par rapport aux formes sauvages. Les caractères sélectionnés par l'homme sont souvent liés aux conditions de récolte, à la production des graines ou de fruits plus gros ou plus nombreux.

Malgré l'intérêt économique et culturel du pommier, l'histoire de sa domestication a longtemps été mal connue. Et pour cause : son lieu d'origine supposé a été inaccessible jusqu'à la fin de la guerre froide. Dès 1929, Nikolai Vavilov, botaniste et généticien russe, avait émis l'hypothèse que les formes domestiquées du pommier étaient toutes issues d'une même espèce sauvage des montagnes du Tian Shan, au Kazakhstan en Asie centrale, le pommier *Malus sieversii*. Il avait observé que, dans cette région, les fruits de cette espèce présentent une impressionnante diversité morphologique et gustative, allant de grosses pommes juteuses (type Golden Delicious) à de petites pommes vertes amères. Or selon une idée qu'il avait exposée trois ans plus tôt, une telle diversité au sein d'une même espèce sauvage dans une région est souvent un indice que cette région est le lieu où la domestication de la plante

L'HISTOIRE ÉVOLUTIVE DU POMMIER DOMESTIQUE



L'histoire évolutive du pommier cultivé se précise (a). Domesticqué dans les montagnes du Tian Shan, au Kazakhstan (1) à partir de l'espèce sauvage *Malus sieversii*, il s'est dispersé d'Asie jusqu'en Europe le long de la route de la soie, s'hybridant au passage avec l'espèce sauvage caucasienne *M. orientalis* (2) et le pommier sauvage européen *M. sylvestris* (3). L'arbre phylogénétique b résume les transferts génétiques (flèches) entre le pommier domestique (en vert) et les pommiers sauvages. Tous sont issus d'un même ancêtre commun (en noir).

LES AUTEURS



Héloïse GIRAUD est doctorante au Laboratoire de Génétique végétale du Moulon (INRA/Université Paris-Sud/CNRS), à Gif-sur-Yvette, en mission doctorale au Laboratoire ESE, à Orsay.



Amandine CORNILLE est postdoctorante au Département d'écologie et de génétique de l'Université d'Uppsala, en Suède.



Tatiana GIRAUD est directrice de recherche du CNRS et directrice adjointe du Laboratoire Écologie, systématique et évolution (ESE, CNRS/Université Paris-Sud/AgroParisTech), à Orsay.

a commencé – le « centre d'origine » des espèces domestiquées.

Emprisonné peu après par le régime soviétique qui condamnait ses recherches (à cette époque, l'agronomie soviétique était sous la houlette de Trofim Lyssenko, qui niait toute influence génétique dans l'agriculture), Vavilov n'a pas pu achever son étude. Les Occidentaux n'ont accédé à ses travaux et poursuivi les recherches qu'à la chute du mur de Berlin, en 1989. En 2001, une première étude génétique, menée par Barrie Juniper, de l'Université d'Oxford, et ses collègues, suggère que *Malus domestica* est plus proche génétiquement de *Malus sieversii* que de toute autre espèce sauvage testée. Les montagnes du Tian Shan pourraient donc bien être le centre d'origine des pommes domestiques. L'hypothèse est corroborée par le fait que les différences de forme et de goût des pommes sont plus marquées entre *Malus domestica* et les autres pommiers sauvages connus. La confirmation définitive sera donnée en 2010 par le séquençage du génome de la pomme domestique et la comparaison de certains de ses gènes avec ceux d'espèces

sauvages : *Malus sieversii* apparaît bien comme l'espèce sauvage la plus proche génétiquement du pommier domestique.

Cette découverte ne révélait cependant que le début de l'histoire. Domesticqué en Asie centrale, le pommier s'est répandu jusqu'en Europe. Sur le chemin, d'autres espèces sauvages, telles que *Malus baccata* (Sibérie et Asie de l'Est), *Malus orientalis* (Turquie et Caucase) et *Malus sylvestris* (Europe) ont-elles contribué à son génome au gré d'interfécondations et de sélections par l'homme ? Et quelle est l'histoire de ces pommiers sauvages ? Par ailleurs, existe-t-il des différences génétiques notables entre les pommiers domestiqués, par exemple entre ceux produisant des pommes à cidre et ceux donnant des pommes à couteau ?

Pour répondre à ces questions, nous avons analysé et comparé 839 échantillons de feuilles d'arbres appartenant au genre *Malus*. Ces échantillons proviennent de collections publiques et privées et de forêts. Les cinq espèces citées plus haut étaient représentées : *Malus domestica*, *M. sieversii*, *M. orientalis*, *M. baccata* et *M. sylvestris*. Nous avons recherché les variations entre ces

échantillons sur 26 régions choisies de leur génome, puis recherché, par simulation, le scénario évolutif correspondant le mieux aux données obtenues (voir l'encadré ci-dessous).

Nous avons ainsi confirmé que le pommier a bien été domestiqué en Asie, mais que d'autres pommiers sauvages ont contribué au patrimoine génétique du pommier domestique. Le pommier sauvage européen *M. sylvestris*, notamment, est un contributeur secondaire majeur au génome du pommier domestique : des séquences de son génome auraient été transférées récemment (il y a 1500 ans) au pommier cultivé, par un mécanisme de mélange génétique nommé introgression (une hybridation suivie de plusieurs croisements avec le parent hôte). De nombreux pommiers domestiques comportent ainsi des parties génomiques du pommier sauvage européen. Voici le scénario le plus plausible déduit de nos données.

Un mélange génétique récent avec le pommier sauvage européen

Le pommier aurait été domestiqué en Asie il y a entre 10 000 et 4 000 ans à partir de l'espèce sauvage *M. sieversii*. Le greffage, dont les premières traces archéologiques (textes, dessins sur des poteries) datent de 4 000 ans, aurait ensuite joué un rôle clé dans la production et la diffusion du pommier cultivé à travers l'Eurasie. Une forme de pommier correspondant à un pommier domestique a été retrouvée au Proche-Orient et datée de cette époque.

Par la suite, le pommier domestiqué a été introduit en Europe et en Afrique du Nord par les Romains et les Grecs. Mais, il y a 1 500 ans, peu après l'introduction des pommes domestiquées en Europe, le pommier cultivé se serait hybridé avec le pommier sauvage européen, *M. sylvestris*.

D'autres pommiers sauvages présents le long de la route de la soie ont pu aussi contribuer au génome des pommiers domestiques. Ainsi, trois pour cent des pommiers domestiques étudiés présentent des introgressions de *M. orientalis*, pommier sauvage caucasien. Ces introgressions plus récentes ont pu être faites sciemment ou non par l'homme, par pollinisation contrôlée ou naturelle. Le pommier sauvage de Sibérie et de l'Est asiatique, *M. baccata*, n'a pas contribué aux échantillons testés.

En chiffres

3^e fruit le plus consommé au monde.

69 millions de tonnes de pommes produites chaque année dans le monde.

1,65 million de tonnes produites en 2011 en France, dont 40 % de Golden, 15 % de Gala et 10 % de Granny Smith. 43 % ont été consommées en France, 33 % exportées et 24 % transformées.

18 kg de pommes sont consommés par an et par ménage en France (premier fruit consommé en France en parts de marché).

Plus de 11 000 variétés cultivées dans le monde, 376 autorisées en France, dont une vingtaine couramment consommées.

La comparaison des deux groupes de pommiers domestiqués – à pommes à cou-teau et à pommes à cidre – avec les pommiers sauvages a aussi permis de préciser leur origine. De par la fréquente amertume de leurs fruits, on aurait pu croire que les pommiers à cidre présenteraient de plus fortes introgressions par le pommier sauvage européen *M. sylvestris*, dont les fruits, petits et acides, ne sont pas consommables. En fait, on observe très peu de différenciation génétique entre les deux types de pommiers domestiques. On peut donc supposer que le goût amer des pommes à cidre est issu de leur ancêtre d'Asie centrale, qui présente une forte diversité de fruits en termes de forme et de goût. L'existence d'une production traditionnelle de cidre dans certaines régions de Turquie, bien plus à l'Est que la répartition géographique de *M. sylvestris*, appuie cette hypothèse.

Ainsi, les différents types de pommes que l'on connaît proviennent tous d'une domestication en Asie qui a ensuite gagné l'Europe il y a environ 1 500 ans. Durant ce trajet, il y a eu des apports de divers pommiers sauvages, en particulier du pommier sauvage européen. Malgré ces apports, les

Du génotype à l'histoire évolutive

Pour mieux comprendre les différentes étapes de domestication du pommier, les auteurs ont recherché les variations génétiques en différentes parties du génome de leurs échantillons, c'est-à-dire établi leurs caractéristiques génétiques (leurs génotypes), et les ont comparés.

Cette caractérisation a été effectuée sur 26 séquences choisies, nommées microsatellites. Constitués d'unités répétées de un à cinq nucléotides (les briques de la molécule d'ADN qui porte l'information génétique), les microsatellites sont des motifs présents dans des zones du génome qui ne codent pas de protéines – et donc sur lesquelles la sélection par l'homme ne s'exerce pas.

Le nombre de répétitions dans chaque microsatellite permet de caractériser les

individus, comme dans les tests de paternité. Par ailleurs, les microsatellites présentent une forte probabilité de mutation par rapport à d'autres régions non codantes de l'ADN. Cette variabilité en fait des marqueurs de choix pour déterminer les proximités génétiques d'individus.

Les génotypes déterminés, des analyses ont été effectuées à l'aide de méthodes statistiques (dites d'inférence bayésienne) afin d'étudier le degré de différenciation génétique des échantillons

et de rechercher le transfert de séquences d'une population à une autre (l'introgression entre populations).

Ces données ont permis de comparer différents scénarios historiques et démographiques (tels que des scénarios de domestication). Des millions de données ont été simulées sous chacun des scénarios de domestication testés. Le scénario dont les données simulées sont les plus proches des données observées dans l'échantillonnage est considéré comme le modèle le plus probable. Ces analyses permettent une meilleure compréhension du processus de domestication et, plus généralement, des mécanismes de diversification.

Quel pommier sauvage réintroduire ?

Le pommier sauvage est en constante évolution, que ce soit du fait de l'homme ou d'une cause naturelle, telle la dernière glaciation qui s'est produite au Sud de l'Europe, entraînant une différenciation génétique du pommier sauvage européen. Cette évolution est à prendre en compte dans les programmes de réintroduction du pommier sauvage.

Pour éviter de planter des arbres « mal adaptés », il est souhaitable de réintroduire des pommiers sauvages qui correspondent au groupe génétique de la région de réintroduction. Cependant, est-il préférable de réintroduire des pommiers sauvages ayant reçu des portions du génome de pommiers cultivés ou des

pommiers sauvages sans introgression par les pommiers cultivés ? Deux écoles s'affrontent.

Selon la première, les introgressions par le pommier cultivé sont un processus naturel dans l'évolution du pommier sauvage européen, et des individus sauvages hybridés avec le pommier domestique peuvent donc être réimplantés. L'autre

école, au contraire, argumente que le pommier cultivé a été introduit en Europe par l'homme il y a environ 1500 ans. Les hybrides sauvages-domestiques ne découleraient donc pas d'un processus naturel et ne devraient pas être réintroduits. Comment trancher ?

La question est plus ici du ressort de l'éthique que de la science. À l'heure actuelle, on préfère réintégrer des pommiers sauvages non hybrides, car on ne connaît pas encore les conséquences de ces hybridations sur la viabilité à long terme du pommier sauvage, tant sur le plan de la

diversité génétique que sur celui de l'adaptation à long terme de ces hybrides. De plus, le pommier sauvage a largement contribué aux variétés actuellement commercialisées.

Le programme de réimplantation vise ainsi pour l'instant à maintenir cette diversité génétique historique au service de l'amélioration variétale. Cependant, cette vision est discutable et la question de la réintroduction de pommiers sauvages hybridés est d'autant plus d'actualité qu'il est aujourd'hui possible de caractériser génétiquement les arbres réintroduits.

■ BIBLIOGRAPHIE

A. Cornille *et al.*, The domestication and evolutionary ecology of apples, *Trends in Genetics*, vol. 30, pp. 57-65, 2014.

A. Cornille *et al.*, Postglacial recolonization history of the European crabapple (*Malus sylvestris* Mill.), a wild contributor to the domesticated apple, *Mol. Ecol.*, vol. 22, pp. 2249-2263, 2013.

A. Cornille *et al.*, New insight into the history of domesticated apple: Secondary contribution of the European wild apple to the genome of cultivated varieties, *PLoS Genetics*, vol. 8, e1002703, 2012.

B. Juniper, Le voyage des pommes, *Pour la Science*, n° 355, pp. 78-83, 2007.

pommiers domestiqués constituent bien un seul groupe génétique, issu d'un même processus initial de domestication.

L'histoire du pommier sauvage européen, *M. sylvestris*, reconstituée selon la même méthode, est elle aussi riche d'enseignements. L'analyse à l'échelle de sa répartition en Europe a révélé trois groupes génétiques : un en Europe de l'Ouest, de la péninsule Ibérique à la Suède, et deux en Europe de l'Est – l'un au niveau des Carpates, l'autre de la péninsule balkanique. Par ailleurs, on constate une diversité génétique plus grande au Sud qu'au Nord.

Comment la dernière glaciation a divisé le pommier européen

Ce gradient Sud-Nord et la présence de trois groupes distincts suggèrent que le pommier sauvage européen, à l'instar de nombreuses espèces tempérées, a survécu à la dernière grande glaciation du Quaternaire (18 000 à 23 000 ans) dans trois zones géographiques distinctes ou « refuges glaciaires » : les Carpates, les Balkans et l'Espagne. Les trois groupes génétiques se seraient formés lors de la période glaciaire. Isolés les uns des autres par la glaciation, les pommiers de ces groupes auraient évolué séparément, puis seraient venus recoloniser l'Europe à la suite du réchauffement de l'Holocène, il

ya 10 000 ans, principalement à partir des refuges espagnol et carpatien. La population originaire d'Espagne a, selon ce scénario, plus largement colonisé l'Europe de l'Ouest, jusqu'en Suède.

Nous avons récemment précisé ce scénario en augmentant la densité de l'échantillonnage en France et en Italie. Nous avons ainsi détecté non plus trois, mais cinq groupes génétiques distincts : Italie, Nord de l'Europe, Ouest de la France, Est de la France et Europe de l'Est (Balkans et Carpates). Cette distinction supplémentaire suggère qu'une différenciation a eu lieu selon que le pommier sauvage du refuge espagnol recolonisait la France par l'Ouest ou par l'Est des Pyrénées. Une autre hypothèse pour le groupe de l'Est de la France serait un refuge glaciaire supplémentaire dans les Alpes. Quant au groupe d'Europe du Nord, il proviendrait bien du Sud, et pourrait s'être différencié au fil de la recolonisation du Nord.

Cette étude de la diversité du pommier sauvage européen souligne l'importance du climat dans la différenciation des populations d'une même espèce d'arbre – un facteur à prendre en compte, dans le contexte actuel du réchauffement climatique, pour les recherches sur le devenir des espèces sauvages et cultivées et de leur répartition géographique.

Les études sur le pommier domestique *Malus domestica* et son apparenté sauvage

européen *M. sylvestris* se poursuivent. L'objectif est notamment de caractériser la différenciation génétique du pommier sauvage européen à l'échelle de la France et d'évaluer ses capacités de dispersion (*via* le pollen ou les graines). Par ailleurs, une introgression importante du pommier domestique vers les différents pommiers sauvages a été mise au jour, ce qui suggère que l'intégrité génétique du pommier sauvage européen est menacée par des flux de gènes issus du pommier cultivé.

Lutter contre la perte de diversité des pommiers sauvages

Ces flux de gènes semblent influencés par des facteurs anthropiques qui favorisent les échanges entre espèces sauvages et domestique, tels que le nombre d'exploitations agricoles de pommiers domestiques et l'intensité des cultures autour des populations de pommiers sauvages. Les mécanismes exacts sont à préciser. La

présence du pommier cultivé est une cause certaine, mais il semble que le nombre d'espèces qui diffusent le pollen joue un rôle crucial dans le degré d'hybridation entre pommiers cultivés et sauvages.

L'ensemble de ces résultats a conduit à la mise en place de plans de conservation du pommier sauvage européen face à ses deux menaces potentielles : la fragmentation de l'habitat (forêts plus petites et plus morcelées) et les hybridations. Notre laboratoire travaille ainsi avec l'IRSTEA (Institut national de recherche en sciences et technologies pour l'environnement et l'agriculture) et avec l'Association française d'agroforesterie à la mise au point d'une stratégie de conservation du pommier sauvage en France, et sur la réintégration des pommiers sauvages dans les agrosystèmes, dans des zones où il avait disparu de par l'action humaine.

Cette réimplantation bénéficierait à d'autres espèces. La réintégration du pommier sauvage dans les haies ou les systèmes agroforestiers pourrait avoir un impact positif sur la biodiversité de ces

écosystèmes, c'est-à-dire favoriser le développement d'une faune et d'une flore plus diversifiées. Il est cependant nécessaire de réintégrer des pommiers sauvages représentatifs de leur région d'implantation et de préférence non pollués génétiquement par les pommiers domestiques, c'est-à-dire non issus de croisements avec des variétés domestiques (*voir l'encadré page ci-contre*). À l'avenir, une identification des individus sans introgression (par exemple parmi ceux vendus actuellement en pépinière) et des recommandations sur le choix des arbres à réimplanter seront développées.

À plus long terme, les connaissances acquises sur la diversité du pommier sauvage et les liens entre pommiers sauvages et domestiques devraient aider à améliorer le pommier cultivé. Une bonne caractérisation des pommiers sauvages permettra de les utiliser comme matériel génétique dans les schémas de sélection et ainsi d'introduire progressivement certains caractères spécifiques des espèces sauvages absents des variétés domestiques, tels que des résistances à des maladies. ■



les conférences

Entrée libre dans la limite des places disponibles

à la Cité des sciences et de l'industrie

> Les mardis 6, 13, 20, 27 mai et 3, 10 juin, à 19h

théma **À la recherche du temps**

La Terre, le vivant, la société : question de rythmes

En apparence, les scientifiques se concentrent sur des intervalles de temps disparates selon leur sujet d'étude. Certes la vie d'une cellule ou d'un organisme n'est qu'un battement de cil par rapport aux transformations géologiques, mais ces deux rythmes interagissent. Et en quelques générations, nos sociétés ont entraîné dans leur transformation la planète entière.

Avec, entre autres, Pierre-Henri Gouyon, Harmut Rosa, Gilles Clément.

Avec le soutien de   

programme complet sur cite-sciences.fr



Les DRONES menacés de piratage

Kyle Wesson et Todd Humphreys

Des flottilles d'avions sans pilote pourraient bientôt sillonner les airs, pour surveiller les feux de forêt, livrer des colis, réaliser des opérations de sauvetage, etc. Mais ces drones civils ont des failles de sécurité qui les rendent faciles à pirater.

Le 2 août 2010, un hélicoptère de reconnaissance de la marine américaine a pénétré dans l'espace aérien étroitement contrôlé qui s'étend autour de Washington. L'événement n'aurait mérité que quelques lignes dans le registre des contrôleurs aériens de l'aéroport voisin s'il n'y avait eu un détail troublant : l'hélicoptère n'avait pas de pilote. C'était un drone.

Le MQ-8B Fire Scout, un appareil de 1 429 kilogrammes et 9,7 mètres de long, a été victime d'un « problème de logiciel », selon les termes des enquêteurs. Il en a résulté une perte des communications avec les opérateurs qui le contrôlaient depuis une base aéronavale, éloignée de plusieurs dizaines de kilomètres. Et pour ne rien arranger, l'appareil n'a pas exécuté le programme censé le forcer à rentrer à la base dans ce cas de figure. Le drone s'est égaré dans le même espace aérien que celui utilisé par Air Force One, l'avion présidentiel, pour décoller et atterrir à la base militaire Andrews.

Après 30 minutes de tension, les opérateurs ont rétabli le contact et repris le

L'ESSENTIEL

- Des milliers d'avions sans pilote, ou drones, devraient bientôt effectuer des missions variées à des coûts réduits : sauvetage, surveillance des lignes électriques, recherche scientifique...
- Leur déploiement dans l'espace aérien pose des problèmes de sécurité complexes et parfois sans réponse aujourd'hui.
- Les signaux radio guidant et commandant les drones peuvent ainsi être falsifiés ou brouillés par des malfaiteurs souhaitant prendre le contrôle des appareils.

Dan Winters

contrôle. Par la suite, un représentant de la marine a tenté de rester positif, en soulignant les bonnes performances du drone : ainsi, le système de pilotage automatique a maintenu l'appareil sur une trajectoire droite et horizontale.

Cette escapade imprévue doit nous alerter sur les immenses défis de sécurité que posent les drones. Ces systèmes de reconnaissance et de frappe commencent à être dédiés à toutes sortes de tâches civiles et plusieurs milliers d'entre eux pourraient survoler les États-Unis d'ici quelques années. Ils participeront peut-être bientôt aux opérations de recherche et de sauvetage, à la pulvérisation de pesticides, à la surveillance des lignes électriques, aux études scientifiques et à une multitude d'autres tâches.

En se passant de pilote – et de cockpit –, les compagnies qui déploient des drones espèrent faire des économies considérables. Par exemple, louer un avion piloté par un humain pour une campagne d'inspection des lignes électriques coûterait le même prix qu'acheter un véhicule aérien automatique susceptible de répéter ce travail un grand