

l'Univers primordial. Quand on se limite à la théorie standard du Big Bang, on ne peut expliquer l'uniformité de l'Univers primordial qu'au prix d'un ajustement ultra-fin (quasi métaphysique) des conditions initiales.

La théorie de l'inflation résout habilement cette difficulté. Elle admet que, dans un Univers en expansion, la distance qui sépare une onde lumineuse de son point de départ est supérieure à la distance qu'elle a parcourue, parce que l'expansion ne cesse d'étirer l'espace déjà parcouru. Faisons une analogie : un conducteur roule à 60 kilomètres par heure. Au bout d'une heure, il a parcouru 60 kilomètres, mais si, pendant ce temps, la chaussée s'est étirée, la distance qui le sépare de son point de départ dépasse la distance parcourue. La théorie inflationniste postule que l'Univers primordial s'est enflé si vite que la distance parcourue par la lumière a été phénoménale. Des régions qui, sinon, seraient restées séparées, ont pu communiquer, et ont adopté la même température et la même densité. Puis, quand l'inflation a été terminée, ces régions ont commencé à se séparer.

Un tel scénario aurait pu se produire aussi si la lumière se propageait dans l'Univers primordial plus rapidement qu'aujourd'hui. La « lumière rapide » a pu relier des régions de l'Univers, qui, sinon, seraient restées séparées. De cette façon, ces régions se seraient homogénéisées. Puis, avec le ralentissement de la lumière, elles auraient perdu le contact.

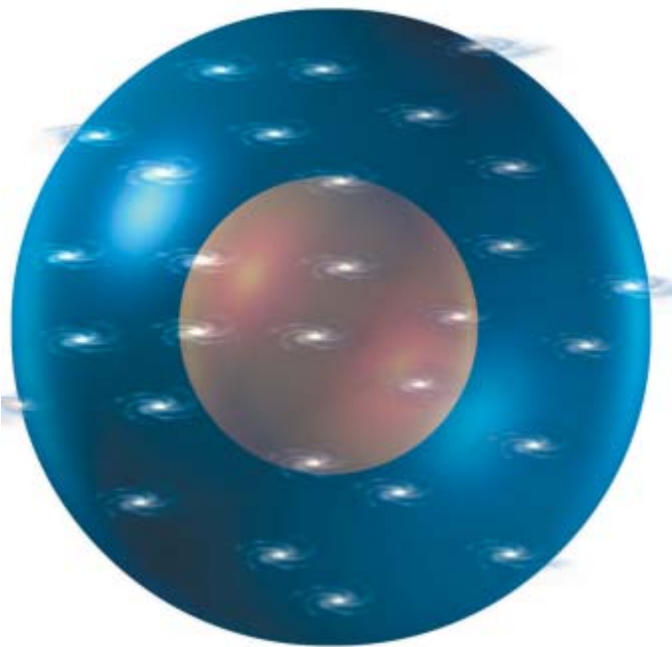
C'est autour de cette idée fondatrice qu'Andreas Albrecht, de l'Université de Californie, John Barrow, de l'Université de Cambridge, et moi-même, avons élaboré la théorie de la vitesse variable de la lumière. Contrairement à une idée reçue, notre objectif n'était pas d'ennuyer les partisans de l'inflation, dont A. Albrecht est l'un des

pères fondateurs. Nous voulions plutôt mettre en évidence les forces et les faiblesses de la théorie de l'inflation en explorant d'autres chemins.

La mise au point de notre théorie nous a naturellement obligé à repenser les fondements de la physique et leurs conséquences. Nous avons d'abord mené une attaque téméraire et d'une violence extrême contre la relativité générale, sans pour autant lui contester le mérite de résoudre plusieurs questions épineuses, notamment celle de la géométrie plane de l'Univers. Notre théorie explique, par exemple, pourquoi la constante cosmologique a aujourd'hui une valeur infime, mais non nulle. La raison en est que la densité d'énergie du vide, que représente la constante cosmologique, dépend beaucoup de la vitesse de la lumière. Une baisse de la valeur de c réduit la densité d'énergie du vide à une valeur négligeable, tandis que, normalement, elle prédomine. En revanche, dans les autres théories, on ne peut « diluer » l'énergie du vide.

Toutefois, notre théorie n'est qu'une possibilité parmi d'autres. Aujourd'hui, des astrophysiciens tentent de réconcilier la théorie de la vitesse variable de la lumière avec la relativité. John Moffat, de l'Université de Toronto, et Ian Drummond, à Cambridge, ont proposé des formulations plus prudentes de la théorie de la vitesse variable de la lumière, que les spécialistes de la relativité acceptent mieux. En fin de compte, il apparaît que le dogme d'une vitesse de la lumière constante n'est pas un postulat indispensable de la relativité. Si notre Univers est bien, comme le prévoit la théorie des cordes, une membrane tridimensionnelle dans un espace de dimension plus élevée, la vitesse apparente de la lumière pourrait varier dans notre espace à trois dimensions sans que la valeur de la « vraie » constante fondamentale ne change.

La vérification expérimentale seule dira si la nature a choisi de jouer avec la valeur de c ou si elle préfère l'inflation. Pour le moment, la théorie de la vitesse variable de la lumière est moins élaborée que celle de l'inflation, et elle devra faire des prévisions claires, sur la température du fond cosmologique diffus micro-onde, par exemple. Notons que certaines expériences laissent penser que la constante de structure fine pourrait ne pas être... constante. Or, cette constante qui caractérise les interactions électromagnétiques dépend directement de c . Ses variations seraient donc liées à celles de la vitesse de la lumière. Il reste à vérifier que les résultats de ces expériences résistent à un examen plus poussé. Il n'en demeure pas moins que l'idée d'une vitesse variable de la lumière reste un défi théorique. Elle se distingue de la théorie de l'inflation, notamment parce qu'elle remet en question les fondements de la physique. Marginale pour l'instant, elle représente une première exploration de la jungle des possibles.



2. L'INFLATION n'est pas la seule solution possible au paradoxe de l'horizon. Peut-être que, dans les conditions qui régnaient dans l'Univers primordial, la lumière se propageait un milliard de fois plus vite qu'aujourd'hui, voire davantage. Cette lumière rapide illuminait des régions de l'espace plus vastes qu'aujourd'hui (la sphère bleue). À mesure que la vitesse de la lumière diminuait, l'horizon apparent (la sphère orange) s'est rétréci. D'après cette conception, nous ne voyons aujourd'hui qu'une partie de la poche originelle ; le mystère de l'uniformité apparente de l'Univers serait résolu.

João MAGUEIJO est maître de conférences en physique théorique à Londres (*Imperial College*).

Andreas ALBRECHT et João MAGUEIJO, *Time Varying Speed of Light as a Solution to Cosmological Puzzles*, in *Physical Review D*, vol. 59, n° 4, 15 février 1999.

João MAGUEIJO et KIM BASKERVILLE, *Big Bang Riddles and Their Revelations*, in *Philosophical Transactions of the Royal Society A*, vol. 357, n° 1763, pp. 3221-3236, 15 décembre 1999.

João MAGUEIJO, *Covariant and Locally Lorentz-Invariant Varying Speed of Light Theories*, in *Physical Review D*, vol. 62, n° 10, 15 novembre 2000.

Le recyclage des protéines

ALFRED GOLDBERG • STEPHEN ELLEDGE • WADE HARPER

Des structures cellulaires, les protéasomes, détruisent en permanence des protéines. Diverses maladies apparaissent quand ces «usines d'incinération» fonctionnent trop ou, au contraire, pas assez.

Sans cesse, notre organisme est le lieu de combats dignes d'un film d'Indiana Jones. Il est fréquent qu'une protéine, s'efforçant d'accomplir sa mission, soit vouée à la destruction et aspirée dans un trou noir, où elle est rapidement mise en pièces. Contrairement à Indiana Jones, elle n'a aucune chance d'en réchapper. Dans la chambre de la mort, la protéine passe, tel un prisonnier médiéval, sur la table d'exécution ; elle y est soumise à mille et une lames enzymatiques qui l'achèvent. Quelques secondes plus tard, les morceaux sont éjectés pour être attaqués et digérés plus avant par d'autres enzymes.

Ce drame intracellulaire est sans doute insignifiant (sauf peut-être pour l'infortunée protéine), mais de nombreuses équipes, dont la nôtre, estiment aujourd'hui que ces abattoirs moléculaires, nommés protéasomes, jouent un rôle fondamental dans les mécanismes cellulaires. Une cellule contient près de 30 000 protéasomes. Quand ils fonctionnent mal, soit qu'ils engloutissent trop de protéines vitales, soit qu'ils ne détruisent pas les protéines endommagées ou anormales, des maladies risquent d'apparaître. Certains virus, tel le virus de l'immunodéficience humaine, le VIH, ont même acquis la capacité de détourner à leur profit la chambre de dégradation des protéines. Les prochains médicaments contre le cancer et d'autres maladies graves agiront peut-être sur les protéasomes et sur les voies d'acheminement des protéines vers ces organites.

Un renouvellement bénéfique

Les cellules sont essentiellement constituées de protéines, dont certaines agissent comme des enzymes, les moteurs moléculaires des réactions chimiques de la vie. Les protéines produites par une cellule dépendent des gènes activés à un moment donné. Les gènes imposent la façon dont les 20 sous-unités élémentaires des protéines, les acides aminés, sont assemblées. Les chaînes se replient en boucles plus ou moins compactes ; chaque protéine a une fonction spécifique qui est déterminée par sa composition chimique, mais aussi par sa forme géométrique.

Que se passe-t-il lorsque les protéines ne servent plus à rien ou s'enroulent mal ? On a longtemps supposé que les lysosomes, de petits sacs d'enzymes digestives présents dans la plupart des cellules de l'organisme, étaient les lieux privilégiés de la dégradation des protéines. Toutefois, au début des années 1970, l'un de nous (Alfred Goldberg) a montré que les cellules dépourvues de lysosomes, tels les bactéries ou les globules rouges immatures, sont néanmoins capables de détruire leurs protéines anormales, ce mécanisme de dégradation nécessitant de l'énergie, contrairement aux autres.

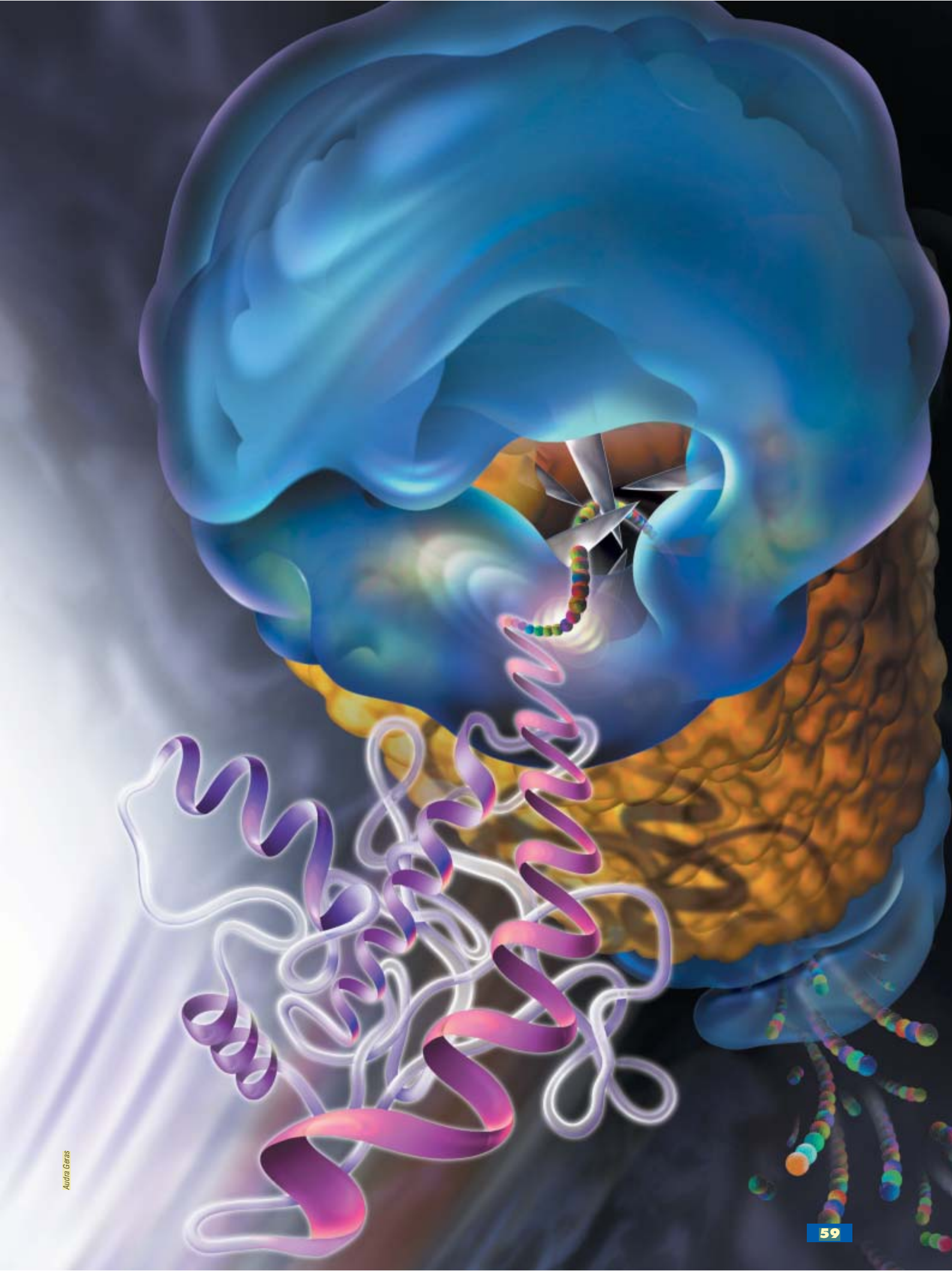
Nous avons réussi à étudier ce nouveau type de dégradation en laboratoire, et, à la fin des années 1970 et durant les années 1980, plusieurs enzymes ont été découvertes. En 1988, le groupe de A. Goldberg et celui de Martin Rechsteiner, de l'Université de l'Utah, montrèrent que les protéines

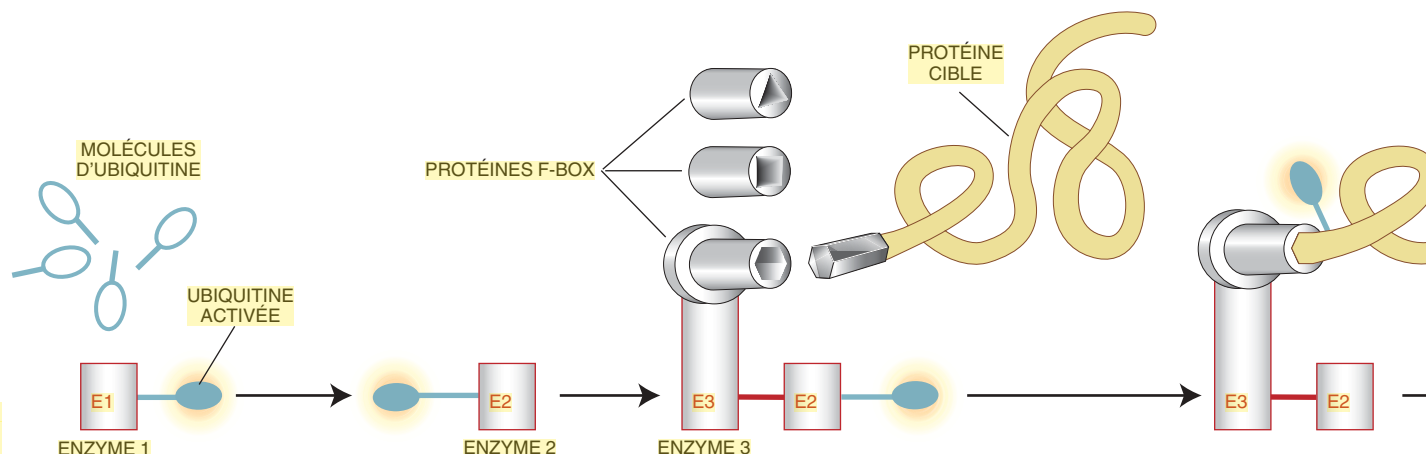
sont dégradées par de grands complexes constitués de plusieurs enzymes, qui ont été nommés protéasomes.

Les protéasomes contiennent de nombreuses protéases, des enzymes qui découpent les protéines en morceaux. Toutefois, les protéasomes sont 100 fois plus grands et plus complexes que les autres protéases. Quand une protéine s'approche du seuil d'un protéasome, elle est aspirée et déchiquetée en acides aminés, lesquels seront réassemblés pour former de nouvelles protéines. La durée de vie de la plupart des protéines n'excède pas quelques jours, même dans des cellules qui se divisent peu, telles les cellules du foie ou du système nerveux. Les vitesses de dégradation varient : certaines ont une demi-vie d'une vingtaine de minutes, d'autres dans la même cellule subsistent pendant des jours, voire des semaines (la demi-vie représente le temps qu'il faut pour que la moitié de la quantité initiale de protéines soit dégradée). Qui plus est, les vitesses de dégradation peuvent varier notablement selon l'état de l'organisme.

A priori, la destruction continue des constituants cellulaires semble être un énorme gaspillage, mais elle a, pourtant, diverses fonctions. La dégradation

1. UN PROTÉASOME attire une protéine (structure en ruban, en bas à gauche) dans sa gueule pour la détruire à l'aide de six enzymes spécifiques, représentées ici par six lames de couteau. Chaque cellule contient des milliers de protéasomes, qui découpent les protéines à éliminer en fragments de différentes tailles ; ces derniers sont ensuite dégradés par d'autres enzymes en constituants élémentaires des protéines, les acides aminés, lesquels sont recyclés pour former de nouvelles protéines.





d'une protéine indispensable, une protéine de régulation, par exemple, sert souvent à ralentir ou à bloquer une réaction biochimique. Par ailleurs, de nombreux mécanismes cellulaires sont activés par la dégradation de protéines inhibitrices. Une élimination rapide des protéines régulatrices est indispensable au bon enchaînement des différentes phases du cycle de la division cellulaire (voir l'encadré page 62).

La dégradation des protéines intervient aussi dans la régulation du métabolisme de l'organisme. En cas de malnutrition ou de maladie, par exemple, l'activité des protéasomes s'intensifie dans les muscles, fournissant ainsi des acides aminés qui peuvent être convertis en glucose et produire de l'énergie. Cette accélération de la dégradation des protéines explique la fonte musculaire et la faiblesse des personnes qui souffrent de la faim ou qui sont atteintes de cancer, du SIDA ou de diabète non traité.

Le système immunitaire cherche en permanence à éliminer des cellules infectées par un virus ou les cellules cancéreuses ; il est sans cesse à l'affût des « balises » que les protéasomes plantent sur ces cellules dangereuses pour les repérer. Le système immunitaire se comporte à cette occasion comme une logeuse qui, dévorée par les soupçons, vérifierait tous les jours le contenu de la boîte à ordures de ses locataires, pour s'assurer qu'ils ne font rien de répréhensible. En général, les protéines cellulaires sont totalement dégradées en acides aminés, mais, parfois, quelques fragments de huit à dix acides aminés sont libérés par les protéasomes, exposés à la surface des cellules, où ils sont examinés par le système immunitaire qui vérifie qu'ils sont normaux. Durant certains états pathologiques, des pro-

téasomes particuliers, nommés immunoprotéasomes, sont produits dans certains tissus, tels la rate et les ganglions lymphatiques, et améliorent l'efficacité de ce mécanisme de surveillance.

La dégradation des protéines par les protéasomes est également un système cellulaire de contrôle de la qualité, qui empêche l'accumulation de protéines anormales et potentiellement toxiques. Les bactéries et les cellules de mammifères détruisent sélectivement les protéines dont les anomalies notables ont été engendrées par des mutations, par des erreurs lors de la synthèse ou par des lésions.

La dégradation des protéines anormales joue un rôle important lors de diverses maladies génétiques. Dans certaines anémies héréditaires, les molécules d'hémoglobine sont anormales, car le gène qui les code est muté : les protéines se replient mal et sont rapidement détruites par les protéasomes, peu après leur synthèse. De même, la mucoviscidose est due à une mutation sur le gène codant une protéine canal qui assure le passage des ions chlorure à travers la membrane externe des cellules. Ces protéines-canal sont légèrement déformées, de sorte que les protéasomes les dégradent avant qu'elles n'atteignent la membrane cellulaire. Le mucus épais qui s'accumule dans les poumons et dans d'autres organes des personnes atteintes de mucoviscidose résulte du manque de transporteurs normaux d'ions chlorure.

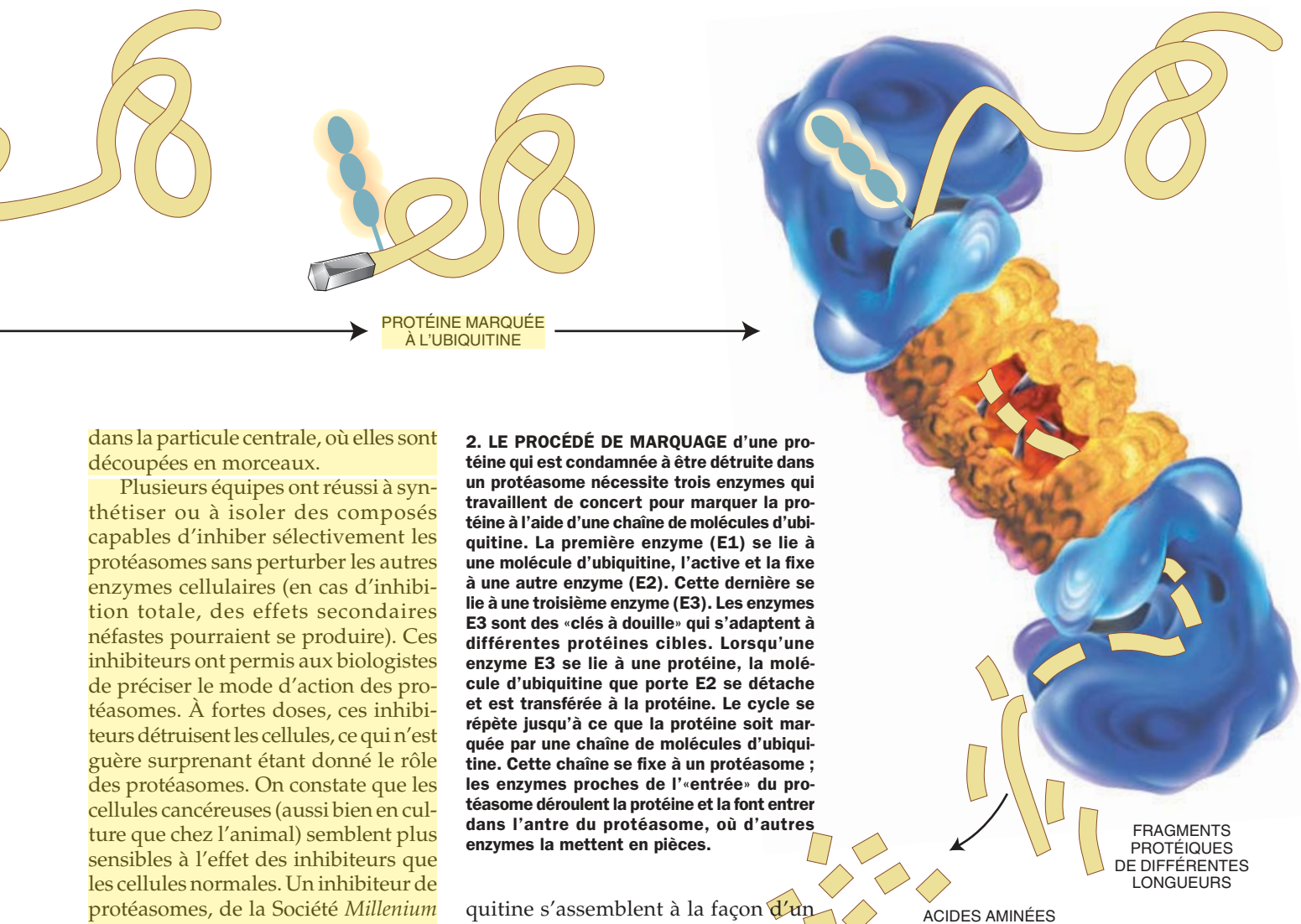
Au contraire, d'autres maladies seraient partiellement dues à une dégradation insuffisante de protéines anormales par les protéasomes. Ainsi, des agrégats de protéines mal repliées, associés à des protéasomes, s'accumulent dans certains neurones, dans le cerveau des personnes atteintes de

maladies neurodégénératives, telles les maladies de Parkinson, de Huntington ou d'Alzheimer. Plusieurs équipes recherchent activement pourquoi les neurones de ces personnes ne parviennent pas à dégrader les protéines anormales.

Dans le ventre du monstre

Vue d'une protéine, les protéasomes sont des structures énormes. La masse d'une protéine moyenne est comprise entre 40 000 et 80 000 fois celle d'un atome d'hydrogène, tandis que la plupart des protéasomes des organismes supérieurs sont 50 fois plus lourds. Au milieu des années 1990, Wolfgang Baumeister, Robert Huber et leurs collègues de l'Institut de biochimie Max Plank, à Martinsried, ont utilisé la diffraction des rayons X et la microscopie électronique pour déterminer l'architecture moléculaire des protéasomes. Chacune de ces structures comprend une particule centrale formant un tunnel, et une ou deux particules régulatrices plus petites, placées à l'une ou à l'autre des extrémités (ou aux deux), comme des capuchons. La partie centrale est constituée de quatre anneaux empilés, chacun comprenant sept sous-unités, entourant un canal central qui constitue le « tube digestif » du protéasome. Les deux anneaux externes serviraient de portails, empêchant les protéines passant à proximité de pénétrer par erreur dans la chambre de dégradation.

De même, les « capuchons » régulateurs seraient des gardiens surveillant attentivement l'entrée dans la partie centrale. Ces particules régulatrices reconnaissent les protéines vouées à la destruction et s'y fixent, puis consomment de l'énergie pour dérouler les protéines et les injecter



dans la particule centrale, où elles sont découpées en morceaux.

Plusieurs équipes ont réussi à synthétiser ou à isoler des composés capables d'inhiber sélectivement les protéasomes sans perturber les autres enzymes cellulaires (en cas d'inhibition totale, des effets secondaires néfastes pourraient se produire). Ces inhibiteurs ont permis aux biologistes de préciser le mode d'action des protéasomes. À fortes doses, ces inhibiteurs détruisent les cellules, ce qui n'est guère surprenant étant donné le rôle des protéasomes. On constate que les cellules cancéreuses (aussi bien en culture que chez l'animal) semblent plus sensibles à l'effet des inhibiteurs que les cellules normales. Un inhibiteur de protéasomes, de la Société *Millenium Pharmaceuticals*, à Cambridge, testé chez l'homme, a prouvé son innocuité, et sera évalué dans le traitement de divers cancers, notamment le myélome multiple, dans le cadre d'un essai clinique qui devrait commencer bientôt. Un autre inhibiteur de protéasomes est en cours d'essai préliminaire, et pourrait agir contre les accidents vasculaires cérébraux et contre l'infarctus du myocarde.

Le baiser de la mort

Les protéasomes n'agissent pas au hasard. Ce sont les cellules elles-mêmes qui indiquent lesquelles de leurs protéines sont condamnées. Ces protéines sont d'abord marquées par une autre protéine, nommée ubiquitine, qui, comme son nom l'indique, est ubiquitaire, c'est-à-dire présente dans de nombreux organismes vivants. L'ubiquitine est une petite protéine (76 acides aminés), qui peut se fixer sur les grosses protéines. Plusieurs sous-unités d'ubi-

2. LE PROCÉDÉ DE MARQUAGE d'une protéine qui est condamnée à être détruite dans un protéasome nécessite trois enzymes qui travaillent de concert pour marquer la protéine à l'aide d'une chaîne de molécules d'ubiquitine. La première enzyme (E1) se lie à une molécule d'ubiquitine, l'active et la fixe à une autre enzyme (E2). Cette dernière se lie à une troisième enzyme (E3). Les enzymes E3 sont des «clés à douille» qui s'adaptent à différentes protéines cibles. Lorsqu'une enzyme E3 se lie à une protéine, la molécule d'ubiquitine que porte E2 se détache et est transférée à la protéine. Le cycle se répète jusqu'à ce que la protéine soit marquée par une chaîne de molécules d'ubiquitine. Cette chaîne se fixe à un protéasome ; les enzymes proches de l'«entrée» du protéasome déroulent la protéine et la font entrer dans l'antre du protéasome, où d'autres enzymes la mettent en pièces.

quitine s'assemblent à la façon d'un code postal qui accélère l'acheminement des protéines condamnées vers les protéasomes.

Le signal de la destruction est donné par la fixation des chaînes d'ubiquitine, l'ubiquitination, qui consomme de l'énergie, comme l'ont montré Avram Hershko et Aaron Ciechanover, de l'Institut de technologie Technion, à Haïfa, et Irwin Rose, du centre anticancéreux *Fox Chase*, à Philadelphie.

L'ubiquitination se déroule en plusieurs étapes et fait intervenir trois enzymes, nommées E1, E2 et E3 (voir la figure 2). L'enzyme E1 active l'ubiquitine, qui se lie à E2. La troisième enzyme, E3, facilite ensuite le transfert de l'ubiquitine activée de E2 vers la protéine. L'opération se répète jusqu'à ce qu'une longue chaîne de molécules d'ubiquitine pende de la protéine. Dès qu'un protéasome détecte une telle chaîne, il aspire la protéine.

Comment une protéine est-elle «choisie» pour subir une ubiquitination ? Avec d'autres biologistes, nous

avons récemment découvert qu'il y a des centaines de protéines E3 différentes qui reconnaissent les informations contenues dans les séquences d'acides aminés des protéines, et qui choisissent les cibles de l'ubiquitination. Quand les conditions physiologiques changent, par exemple lors d'une infection ou d'un manque de nutriments, les cellules modifient leurs protéines en leur ajoutant des groupes phosphate. Cette phosphorylation influence sur l'activité des protéines et sur leur capacité à fixer les protéines E3. Ces dernières détectent les protéines qui ne sont pas correctement repliées ou qui sont endommagées, elles vont à leur rencontre et leur apposent une marque, afin qu'elles soient happées par les protéasomes.

En contrôlant la stabilité de diverses protéines critiques, les molécules E3 régulent de nombreux mécanismes, tels le développement des membres, les réactions immunitaires, la