

mouth et les protéines étant très dégradées. Mais nous avons finalement réussi à les séquencer.

Notre collègue Chris Organ, de l'Université Harvard, a alors comparé nos séquences de tyrannosaure à celles d'une multitude d'autres organismes, et il est apparu que nos séquences pouvaient être groupées avec celles des oiseaux et, dans une moindre mesure, avec celles des crocodiliens. Or ces deux groupes actuels sont les plus proches parents des dinosaures.

Les articles détaillant nos travaux de séquençage, publiés en 2007 et 2008, entraînèrent controverse sur controverse. La plupart des critiques portaient sur notre interprétation des données de séquençage par spectrométrie de masse. Certains contradicteurs alléguèrent que nous n'avions pas déterminé assez de séquences pour prouver notre hypothèse; d'autres que les structures que nous avons interprétées comme des tissus mous primitifs étaient en fait des biofilms – des dépôts créés par les micro-organismes ayant envahi l'os fossilisé; et ainsi de suite.

Il est clair que les chercheurs sont payés pour être sceptiques et doivent examiner avec rigueur les affirmations remarquables. Mais ils doivent aussi appliquer le principe d'économie, c'est-à-dire préférer l'explication la plus simple compatible avec toutes les données fournies. Or nous fournissions de multiples faisceaux d'indices allant tous dans le sens de notre hypothèse...

Encore un bon fossile

Je savais qu'une seule et unique découverte surprenante n'a pas de signification scientifique à long terme. Il nous fallait séquencer les protéines provenant d'autres dinosaures. Un bénévole qui nous accompagnait lors d'une expédition d'été découvrit un spécimen de dinosaure à bec de canard (*Brachylophosaurus canadensis*), un herbivore d'il y a quelque 80 millions d'années. Nous avons fait tout notre possible pour le libérer rapidement de sa gangue de grès tout en minimisant son exposition à l'air libre. Les polluants atmosphériques, les fluctuations de l'humidité et autres influences externes sont très nocifs pour des molécules fragiles, et plus l'os est exposé, plus il y a contamination et dégradation.

C'est peut-être grâce à ces précautions et à la rapidité des analyses que la chimie

et la morphologie de ce second dinosaure se sont révélées moins altérées que celles de MOR 1125. Comme nous l'avions espéré, nous avons trouvé dans l'os de cet animal des cellules incluses dans une matrice de fibres blanches de collagène. Ces cellules présentaient les longues extensions fines et ramifiées caractéristiques des ostéocytes, que nous pouvions suivre du corps cellulaire jusqu'à l'endroit où elles se lient à d'autres cellules. Quelques-unes d'entre elles semblaient contenir des structures internes, des noyaux cellulaires peut-être.

En outre, les extraits de l'os du dinosaure à bec de canard réagissaient avec les anticorps qui ciblent le collagène et d'autres protéines que les bactéries ne fabriquent pas; cette constatation infirmait la thèse suivant laquelle la couche

LES SÉQUENCES DE PROTÉINES OBTENUES à partir de l'os du dinosaure à bec de canard ressemblent beaucoup à celles d'oiseaux actuels.

blanche ne serait qu'un biofilm. Par ailleurs, tout comme celles de MOR 1125, les séquences de protéines obtenues ressemblaient étroitement à celles d'oiseaux actuels. Nous avons aussi envoyé des échantillons de cet os de dinosaure à plusieurs laboratoires pour qu'ils procèdent à des analyses indépendantes. Toutes ont confirmé nos résultats. Après la publication de ces découvertes dans la revue *Science*, en 2009, je n'ai plus entendu de contestations.

Toutefois, il reste beaucoup à comprendre sur les tissus mous anciens. Pourquoi ont-ils subsisté alors que, selon tous les modèles, ils devraient être dégradés? Qu'ignorons-nous sur les processus de fossilisation? Que nous apprennent ces fragments résiduels de molécules sur les animaux? Les travaux de séquençage suggèrent qu'après constitution de bibliothèques de séquences anciennes et modernes, nous pourrions en déduire des informations sur les liens de parenté entre espèces éteintes. Avec le développement de ces bases de données, nous pourrions comparer des séquences pour étudier l'évolution moléculaire d'une lignée et mesurer la vitesse de cette évolution. Autant de contributions possibles à la résolution des énigmes posées par les dinosaures, à commencer par celle de leur disparition...

L'AUTEUR



Mary SCHWEITZER est maître de conférences au Département des sciences marines, terrestres et atmosphériques de l'Université de Caroline du Nord, aux États-Unis, et conservatrice adjointe du Muséum d'histoire naturelle de l'État de Caroline du Nord.

BIBLIOGRAPHIE

M. H. Schweitzer *et al.*, Biomolecular characterization and protein sequences of the Campanian hadrosaur *B. canadensis*, *Science*, vol. 324, pp. 626-631, 2009.

Th. Kaye *et al.*, Dinosaurian soft tissues interpreted as bacterial biofilms, *PLoS One*, vol. 3, n° 7, 2008.

J. Asara *et al.*, Protein sequences from *Mastodon* and *Tyrannosaurus rex* revealed by mass spectrometry, *Science*, vol. 316, pp. 280-285, 2007.

M. H. Schweitzer *et al.*, Beta-keratin specific immunological reactivity in feather-like structures of the Cretaceous Alvarezsaurid, *Shuvuuia deserti*, *Journal of Experimental Zoology*, vol. 285, pp. 146-157, 1999.

M. H. Schweitzer *et al.*, Preservation of biomolecules in cancellous bone of *Tyrannosaurus rex*, *Journal of Vertebrate Paleontology*, vol. 17, n° 2, pp. 349-359, 1997.



1. LES VIKINGS DÉBARQUENT À OISSEL, une île de la Seine. Les paysans qui l'occupaient ont-ils souffert de l'arrivée des guerriers du Nord ? Peut-être pas, puisque les Vikings de la Seine, qui voulaient faire de Oissel une base logistique, avaient intérêt à pouvoir se fournir auprès de la population locale. Les archéologues n'ont en tout cas retrouvé aucune trace de violence sur place.