

■ LES AUTEURS



Emmanuelle CHARPENTIER, professeure à l'université d'Umeå, en Suède, et à l'école de médecine de Hanovre, en Allemagne, dirige le département Régulation en biologie de l'infection au centre de recherche sur l'infection Helmholtz, à Braunschweig en Allemagne.

Pierre KALDY est journaliste scientifique.

5 découvertes clés

1953 La structure de l'ADN et son rôle dans le transfert de l'information génétique (prix Nobel 1962).

1970 Des enzymes bactériennes, dites de restriction, coupent des séquences spécifiques de l'ADN. Premiers outils de caractérisation et de manipulation spécifique de l'ADN *in vitro* (prix Nobel 1978).

1983 La réaction en chaîne par polymérase (PCR) permet de multiplier les séquences d'ADN *in vitro*. La caractérisation et la manipulation de séquences d'ADN *in vitro* devient possible pour la plupart des ADN trouvés dans la nature (prix Nobel 1993).

1989 Première modification ciblée du génome d'un animal, la souris (prix Nobel 2007).

2012 Mise au point de l'outil CRISPR-Cas9, permettant des modifications multiples ciblées de tout ADN *in vivo*.

et tuant les souches bactériennes utilisées. En 2007, deux biologistes français de la société Danisco, au Danemark, Rodolphe Barrangou et Philippe Horvath, et l'équipe canadienne de Sylvain Moineau de l'université de Laval, à Québec, annoncent qu'ils ont réussi à immuniser une bactérie alimentaire, *Streptococcus thermophilus*, contre un virus. De plus, ils prouvent que les rares bactéries qui ont résisté à l'attaque virale se défendent en conservant dans leur génome une partie de l'ADN du virus qui les a pénétrés. Ce « souvenir » du passage viral lui permet de parer à toute nouvelle intrusion du virus. Mieux, la bactérie dispose d'une « bibliothèque » de souvenirs des infections passées sur son chromosome, qui lui permet de reconnaître tout nouvel ADN étranger déjà rencontré, qu'il provienne d'un bactériophage ou de molécules circulaires nommées plasmides.

La mémoire des bactéries

Cette bibliothèque, dont le rôle intriguait les microbiologistes depuis des années, avait été nommée CRISPR (acronyme anglais pour « courtes répétitions palindromiques groupées et régulièrement espacées »). Il s'agissait, en fait, de la mémoire des récentes agressions virales subies par la bactérie et ses ancêtres au cours de leur vie. Insérer un fragment d'ADN d'un nouveau virus dans ces séquences, comme l'ont fait Rodolphe Barrangou, Philippe Horvath, Sylvain Moineau et leurs collègues, donnait à la bactérie la capacité de résister à ce virus. En héritant des séquences CRISPR ou en se les transmettant, les bactéries acquéraient une mémoire des agressions virales subies, et même une immunité contre elles. Les bactéries étaient donc elles aussi dotées d'un système immunitaire adaptatif.

Les recherches bio-informatiques sur le système CRISPR ont révélé qu'il est présent dans environ 50 % des bactéries et 90 % des archées connues. Sa séquence contient non seulement des échantillons d'ADN étranger, mais aussi les gènes de plusieurs enzymes nommées Cas (pour « CRISPR associées »). Celles-ci assurent le stockage de ces fragments dans le chromosome bactérien et leur utilisation, sous forme de copies d'ARN complémentaire (voir l'encadré page ci-contre), pour reconnaître et détruire le nouvel ADN viral introduit. Trois types de système CRISPR avaient été mis au jour parmi les bactéries,

chaque espèce étant dotée de l'un d'eux (aujourd'hui, on en connaît cinq types). Il restait à comprendre comment il fonctionne.

Comment les bactéries ou les archées éliminaient-elles les virus en utilisant les échantillons d'ADN viral archivés dans leur système CRISPR ? En 2010, la même équipe franco-canadienne montre que le système CRISPR de type II agit en coupant l'ADN étranger en un point précis de sa séquence, et que celle-ci doit comporter un signal reconnu spécifiquement par l'enzyme – une courte séquence nommée PAM. Les séquences CRISPR de la bactérie sont dépourvues de la séquence PAM, ce qui évite leur coupure sur le chromosome, alors qu'elle est très fréquente dans l'ADN des bactériophages.

En 2011, les chercheurs français découvrent avec des collègues lituaniens que, dans le système CRISPR de type II, une enzyme, Cas9, peut à elle seule reconnaître et couper spécifiquement un ADN étranger quand la bactérie dispose d'une copie de cette séquence dans son site CRISPR. La même année, l'un de nous (Emmanuelle Charpentier), alors à l'université d'Umeå, en Suède, montre qu'un petit ARN spécifique – nommé tracr – est nécessaire à l'enzyme Cas9.

Lors d'une infection, la séquence CRISPR est transcrite en une copie sous forme d'un long ARN contenant tous les ARN complémentaires des ADN viraux engrangés. L'ARN tracr s'hybride avec ce long ARN, entre les ARN viraux. Il forme ainsi des sortes de repères qui permettent à une autre enzyme, en présence de Cas9, de débiter le long ARN de CRISPR en ses séquences d'ARN d'origine virale et d'associer chacune à une enzyme Cas9.

Une enzyme et un ARN guide

Désormais, l'un de nous (Emmanuelle Charpentier) connaissait le cocktail pour programmer *in vitro* une coupure de l'ADN à un endroit précis. Il devait comporter l'enzyme Cas9, une copie de l'ADN ciblé sous forme d'un petit ARN complémentaire, et un autre petit ARN – tracr – propre à l'enzyme. En 2012, avec l'équipe de Jennifer Doudna, de l'université de Californie, à Berkeley, nous (Emmanuelle Charpentier et son équipe) avons montré qu'il était possible de réunir les deux petits ARN en un seul ARN guide pour l'enzyme Cas9. Et que l'ARN ainsi construit était à lui seul