

radioastronomie à Bonn, en Allemagne, l'a découvert en 2014 alors qu'elle analysait d'anciennes données d'un des programmes de l'observatoire d'Arecibo. Captée pour la première fois par le télescope en novembre 2012, la source FRB121102 a la particularité d'être la seule source connue qui émet des bouffées radio de façon répétée (mais aléatoire). Plus de 200 événements provenant de cette source ont été observés à ce jour. D'ailleurs, grâce à ce phénomène répété, Shami Chatterjee, de l'université Cornell, et ses collègues ont déterminé en 2017 que FRB121102 appartient à une galaxie naine distante de plus de 3 milliards d'années-lumière.

Daniele Michilli et ses collègues ont analysé 16 bouffées émises par FRB121102. Ils ont montré que ces émissions électromagnétiques sont polarisées linéairement, c'est-à-dire que le champ électrique de ces ondes oscille dans une direction déterminée. On sait que des ondes électromagnétiques peuvent être partiellement polarisées lorsqu'elles traversent un milieu où règne un fort champ magnétique. Or les chercheurs ont montré que les ondes radio de FRB121102 sont polarisées à 100%! Le champ magnétique traversé serait donc extrêmement intense. De telles polarisations d'ondes radio ont été observées autour de trous noirs supermassifs, de plus de 10 000 masses solaires.

Par ailleurs, comme les bouffées émises par FRB121102 sont très brèves (entre 30 microsecondes et 2 millisecondes), les chercheurs suggèrent que la source est un petit objet, d'une dizaine de kilomètres de diamètre, la taille typique d'une étoile à neutrons. Ainsi, les observations de Daniele Michilli et ses collègues semblent indiquer que la source FRB121102 est une étoile à neutrons plongée dans le champ magnétique intense d'un trou noir supermassif présent à proximité. Mais ces chercheurs n'excluent pas d'autres possibilités.

Si le rôle du champ magnétique semble crucial dans la dynamique de FRB121102, il reste à en comprendre le mécanisme en détail. Par ailleurs, il n'est pas certain que les sources non répétitives de sursauts radio soient de même nature que FRB121102. Pour répondre aux diverses interrogations, une trentaine d'observatoires, notamment le télescope *Chime*, au Canada, traquent ces sursauts avec des programmes de recherche dédiés. ■

SEAN BAILLY

D. Michilli et al., *Nature*, vol. 553, pp. 182-185, 2018

Un glaciologue argentin au banc des accusés

Le 27 novembre 2017, un juge fédéral de Buenos Aires a accusé Ricardo Villalba, ancien directeur de l'Institut argentin de la neige, de la glace et de la recherche environnementale, d'avoir favorisé l'activité minière dans les Andes en omettant d'inventorier les plus petits glaciers. Des collègues du monde entier s'insurgent contre cette situation. Les explications de l'un d'eux.



Propos recueillis par MARIE-NEIGE CORDONNIER

ÉTIENNE BERTHIER
glaciologue du CNRS
au LEGOS, à Toulouse

Quelle était la mission dont Ricardo Villalba était chargé ?

Il dirigeait l'inventaire national des glaciers d'Argentine. Assisté d'une équipe d'une dizaine de chercheurs, ingénieurs et techniciens, il était responsable de la réalisation d'un catalogue informatisé et exhaustif de l'ensemble des glaciers sur le territoire argentin des Andes. Cet inventaire est un besoin scientifique, mais répond aussi à la promulgation, en octobre 2010, d'une loi visant à identifier et protéger les glaciers et le milieu périglaciaire en tant que ressources hydrologiques stratégiques.

Que lui reproche-t-on ?

On l'accuse de ne pas avoir cartographié les plus petits glaciers (ceux de moins de 1 hectare) et, ainsi, d'avoir permis que l'extraction de minerais se poursuive dans la province de San Juan, en particulier dans le complexe minier de Veladero, exploité par la multinationale Barrick. Outre la mise à mal des glaciers, cette mine a causé des fuites importantes de cyanure dans les rivières voisines entre 2015 et 2017. À la suite de ces fuites désastreuses pour l'environnement, un groupe de citoyens nommé Jáchal No Se Toca a déposé une plainte. Barrick a été jugée à l'échelle provinciale et s'en est sortie avec une simple amende. Mais à l'échelle nationale, c'est Ricardo Villalba qui est jugé. Comme s'il était responsable des erreurs de l'industrie minière !

Ces accusations sont-elles fondées ?

Non ! D'abord, il faut du temps pour produire un inventaire précis et exhaustif des glaciers, notamment dans une région aussi compliquée que les Andes centrales où de nombreux glaciers sont couverts de rochers et donc difficiles à délimiter. Précisons que le premier inventaire des glaciers du globe n'est paru qu'en 2014, et reste très incomplet et amélioré.

L'inventaire de la province de San Juan n'était donc pas terminé lors des fuites de cyanure. De plus, il est impossible techniquement de cartographier les glaciers les plus petits. Et toute la communauté internationale s'accorde à dire que la taille minimum de 1 hectare est appropriée et respecte des protocoles établis par l'Unesco. Les Argentins ont même fait l'effort de cartographier des glaciers de taille inférieure.

Où en est la situation aujourd'hui ?

Ricardo Villalba a fait appel pour gagner du temps avant le procès afin de constituer un dossier solide avec un avocat et d'obtenir des soutiens en Argentine (pour le moment, son organisme de rattachement, le Conicet, l'équivalent du CNRS, ne lui apporte aucune aide, ni juridique ni financière) et dans le reste du monde. Le tribunal d'appel devrait rendre sa décision en février.

Comment réagit la communauté scientifique ?

La mobilisation des scientifiques est très forte en Argentine, mais aussi partout dans le monde. Les glaciologues ont d'abord réaffirmé que les protocoles des collègues argentins étaient conformes à l'état de l'art. Je peux en témoigner directement, car j'ai été rapporteur de l'inventaire des glaciers dans la province de Mendoza. Ensuite, nous nous mobilisons pour venir financièrement en aide à Ricardo Villalba. Il est très regrettable et incompréhensible que la justice argentine se trompe de cible en accusant un chercheur intègre et reconnu, qui a lutté toute sa carrière pour préserver l'environnement dans les Andes, en lieu et place de l'industrie minière. Espérons que notre mobilisation permette de l'innocenter. Dans le cas contraire, il y a un risque que, pour éviter d'être exposés à des poursuites judiciaires, les scientifiques refusent d'apporter leur expertise sur des sujets trop sensibles. Ce serait très préjudiciable à l'heure où leur éclairage est si important dans de nombreux débats de société. ■

Pétition de soutien à R. Villalba : bit.ly/2CRWCQF

BIOLOGIE

LA PROTÉINE QUI N'EXISTAIT PAS

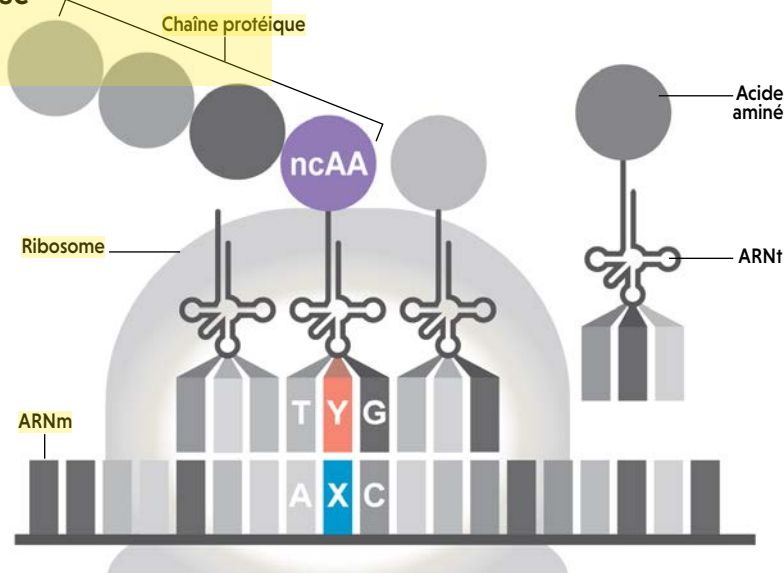
Une bactérie a été modifiée de façon à ce qu'elle intègre une information génétique de synthèse et qu'elle la restitue sous la forme d'une protéine artificielle.

Comment fabriquer une protéine inédite? L'idée n'est pas seulement de modifier une bactérie pour qu'elle ajoute ou supprime des constituants des protéines, les acides aminés dits naturels, dans une chaîne protéique existante. Les biologistes savent le faire depuis longtemps. Non, les chercheurs en biologie de synthèse visent un objectif bien plus ambitieux: modifier une cellule de façon qu'elle insère dans ses protéines, aux endroits souhaités, de nouveaux acides aminés non naturels. C'est ce que viennent de réussir Yorke Zhang, de l'institut de recherche Scripps, en Californie, et ses collègues avec une bactérie *Escherichia coli*.

Depuis plus de trente ans, diverses pistes sont explorées pour y parvenir. Toutes consistent à agir sur le code génétique. Les organismes vivants codent leurs informations héréditaires à l'aide de quatre nucléotides ou bases notés A, T, C et G, qui forment des paires agencées en une longue molécule en double hélice, l'ADN. Les cellules lisent cette séquence et, à chaque triplet de bases ou codon, associent un acide aminé. Avec quatre bases différentes, il existe 64 combinaisons possibles de trois bases. Mais seuls 20 acides aminés interviennent habituellement dans la fabrication des protéines, car certains codons correspondent au même acide aminé (et trois codons ont d'autres fonctions).

Des biologistes ont pu assigner des codons existants à de nouveaux acides aminés. Par exemple, en 2013, l'équipe de George Church, à la faculté de médecine de l'université Harvard, a associé le codon TAG, qui habituellement stoppe la lecture de l'ADN, à un acide aminé non standard. D'autres chercheurs imaginent de nouveaux codons. En 2010, Jason Chin, au Medical Research Council, à Cambridge, au Royaume-Uni, et ses collègues ont produit par mutagenèse une machinerie cellulaire capable de décoder non pas des triplets de bases, mais des quadruplets, et de les traduire en acides aminés non naturels. Ils ont ainsi construit une protéine avec deux acides aminés non naturels.

Yorke Zhang et ses collègues, eux, ont choisi d'introduire directement dans l'ADN une nouvelle paire de bases synthétisées. Dans un premier temps, ils ont montré que la bacté-



Dans la bactérie modifiée, les ribosomes incorporent un nouvel acide aminé (en violet) dans la chaîne protéique lorsqu'ils rencontrent un codon portant la nouvelle base X.

30

C'EST, À TOUT LE MOINS, LE NOMBRE D'ACIDES AMINÉS DE SYNTHÈSE QUI ONT ÉTÉ INCORPORÉS DANS DES PROTÉINES DURANT LEUR FABRICATION PAR DES ORGANISMES VIVANTS VIA LA TECHNIQUE DE RÉASSIGNATION DE CODONS. ON CONNAÎT PLUS DE 1 000 ACIDES AMINÉS, DONT SEULEMENT 20 INTERVIENNENT DANS LES PROTÉINES NATURELLES.

rie semi-synthétique ainsi produite vivait bien et que l'incorporation était stable. Il fallait ensuite que l'information ajoutée soit transmise correctement dans la chaîne de production des protéines: la nouvelle paire de bases doit être transcrite au sein de l'ARN messager (ARNm), l'intermédiaire entre l'ADN et la machinerie de lecture (les ribosomes). Dans les ribosomes, des ARN de transfert (ARNt) spécifiques doivent alors être recrutés, capables de reconnaître les nouveaux codons de l'ARNm et de leur associer des acides aminés non naturels; pour cela, une enzyme spécifique doit reconnaître le bon ARNt et y fixer le bon acide aminé. Pas à pas, les biologistes ont levé ces obstacles. Grâce à leurs bactéries, ils ont ainsi réussi à incorporer dans une protéine connue – une protéine fluorescente verte – un acide aminé non naturel.

Pourquoi introduire de nouveaux acides aminés dans les protéines? Pour les doter de nouvelles fonctions. Les biologistes du domaine imaginent déjà de multiples applications dans la recherche de médicaments, la fabrication de matériaux ou l'agriculture. Certes, la production de protéines artificielles n'en est qu'à ses balbutiements, mais il est à parier qu'elle aboutira un jour. Serons-nous alors prêts à encadrer ces nouvelles pratiques en connaissance de cause? ■

M.-N. C.

Y. Zhang et al., *Nature*, vol. 551, pp. 644-647, 2017