

BIOLOGIE VÉGÉTALE

L'ART FRACTAL DU CHOU ROMANESCO

Hérissé de cônes dont les motifs se répètent à différentes échelles, le chou romanesco se distingue par sa forme fractale. Les mécanismes génétiques à l'origine de cette autosimilarité restaient à identifier. Grâce à la combinaison d'expériences sur l'arabette des dames, une plante modèle de la même famille (*Brassicaceae*) et la modélisation de sa croissance, François Parcy, du Laboratoire de physiologie cellulaire et végétale, à Grenoble, Christophe Godin, du Laboratoire de développement et reproduction des plantes, à Lyon, et leurs collègues ont compris comment la modification de l'expression de différents gènes intervient dans la structuration de cette variété de chou-fleur.

Deux mutations suffisent pour transformer l'aspect de l'arabette. Au lieu de produire des fleurs, les méristèmes floraux (des zones à l'extrémité des tiges où des cellules souches donnent naissance aux fleurs) produisent des petites structures comparables à celles du chou-fleur. Les chercheurs ont simulé les interactions complexes de sept gènes, dont *LEAFY*, qui déclenche dans la plante sauvage le passage du méristème au stade de fleur. Normalement, *LEAFY* s'active durablement, ce qui mène à la formation d'une fleur. Ici, ce gène présente un pic d'activité avant de s'éteindre. Sa perte d'activité conduit à la formation d'une tige. Mais sa brève période d'expression suffit pour doter cette tige d'un comportement particulier: elle produit de nouveaux méristèmes floraux qui deviennent à leur tour des tiges. La croissance des choux suit sans doute un processus similaire. Alors que chez les choux-fleurs, la production des bourgeons se fait à vitesse constante, chez le romanesco, elle est de plus en plus rapide, ce qui conduit à la forme fractale et pyramidale. ■ **S. B.**

Hérissé de structures pyramidales qui se répètent à différentes échelles, le chou romanesco se distingue par une forme fractale exceptionnelle.



E. Azpeitia et al., *Science*, vol. 373, pp. 192-197, 2021



© Shutterstock.com/pokku

BIO-INFORMATIQUE

REPLIEMENT DES PROTÉINES : LA PERCÉE DE L'IA

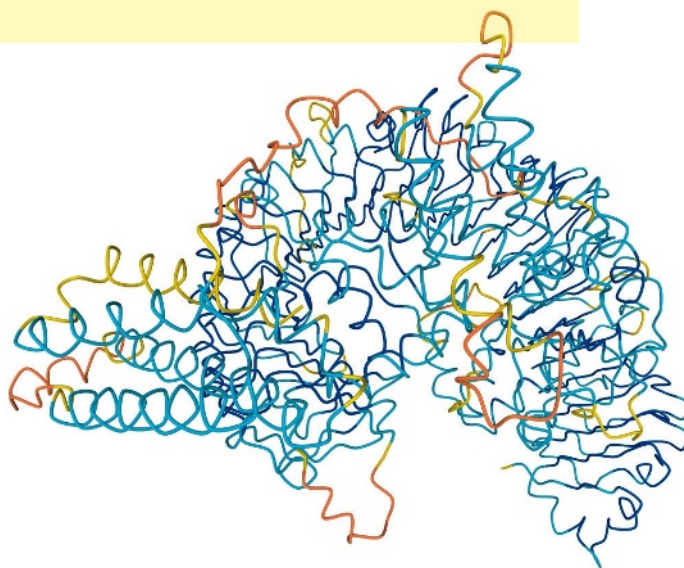
Le système d'intelligence artificielle AlphaFold prédit avec précision et en quelques heures la structure 3D d'une protéine. Une révolution en biologie structurale.

L'entreprise DeepMind marquera sans doute l'histoire des sciences. Sa nouvelle version d'AlphaFold, système d'intelligence artificielle (IA) destiné à prédire la structure 3D d'une protéine à partir de la séquence des acides aminés qui la constituent, obtient en effet des résultats impressionnants. John Jumper, Demis Hassabis et leurs collègues de DeepMind, à Londres, viennent de les publier et de donner accès au programme source d'AlphaFold. De plus, l'EMBL, le Laboratoire européen de biologie moléculaire, s'est associé à DeepMind pour créer une base de données en accès libre, qui contient déjà plus de 350 000 structures de protéines prédites à l'aide de l'IA.

Les protéines sont des molécules essentielles du vivant, et leur fonction dépend beaucoup de la façon dont la chaîne d'acides aminés « se replie » dans l'espace après sa synthèse. Plusieurs techniques existent aujourd'hui pour déterminer expérimentalement cette structure (cristallographie par rayons X, résonance magnétique nucléaire, microscopie électronique, etc.). Cependant, cela exige généralement plusieurs mois, voire plusieurs années pour une protéine donnée. À ce jour, les scientifiques ont déterminé ainsi les structures d'environ 180 000 protéines, ce qui est peu comparé aux centaines de millions de protéines dont on connaît la séquence d'acides aminés.

Une autre approche consiste à prédire la structure 3D. Les calculs de dynamique moléculaire étant généralement trop lourds, des méthodes d'IA, utilisant des réseaux de neurones artificiels à « apprentissage profond », ont été récemment développées. AlphaFold en fait partie. Ce système est entraîné avec les structures 3D connues de protéines, archivées dans la base PDB (Protein Data Bank), et s'appuie sur des comparaisons entre protéines de séquences similaires ainsi que sur les corrélations entre paires d'acides aminés et leur distance dans l'espace.

La nouvelle version d'AlphaFold prédit des structures protéiques avec une précision d'environ 0,1 nanomètre sur les positions des atomes du squelette de la molécule, soit trois fois mieux que le système concurrent le mieux



La structure tridimensionnelle de la protéine At1g58602 de la plante modèle *Arabidopsis thaliana*, telle qu'elle est prédite par le système AlphaFold. Cette protéine, liée à la résistance de la plante aux maladies, est une chaîne de 1138 acides aminés. Sa structure 3D n'est pas connue expérimentalement. Ici, les couleurs codent le degré de confiance dans la position spatiale des acides aminés (haute confiance en bleu foncé, faible confiance en orange).

placé. « Une précision assez incroyable, atteinte sur les parties de la protéine qui se replient de façon bien définie, et qui est très comparable à celle des techniques expérimentales », commente Stephen Cusack, spécialiste de biologie structurale et directeur du site grenoblois de l'EMBL.

Les prédictions réalisées sur des protéines dont la structure 3D est inconnue devront être confirmées par les techniques expérimentales. Cela prendra du temps, explique le chercheur. Par ailleurs, comme l'a souligné Janet Thornton, qui a été directrice de l'institut européen de bio-informatique (EBI) de l'EMBL, à Londres, AlphaFold ne prédit pas les structures de complexes formés avec d'autres protéines ou d'autres molécules comme l'ADN et l'ARN, et ne livre pas d'informations sur la dynamique du repliement de la molécule.

Mais en prédisant la structure 3D d'une protéine en quelques heures, AlphaFold va accélérer fortement la détermination des structures protéiques, avec de multiples perspectives en biologie fondamentale et appliquée. « Pour la biologie structurale, AlphaFold et la base de données associée constituent une révolution », conclut Stephen Cusack. ■

Maurice Mashaal

J. Jumper *et al.*, *Nature*, en ligne le 15 juillet 2021 ;
K. Tunyasuvunakool *et al.*, *Nature*, en ligne le 22 juillet 2021

EN BREF

Vapeur d'eau à la surface de Ganymède

La plus grande lune de Jupiter abrite un océan d'eau liquide, 160 kilomètres sous sa croûte de glace. Lorenz Roth, de l'École royale polytechnique de Stockholm, et ses collègues ont aussi trouvé des traces d'eau dans son atmosphère. L'analyse des images de Ganymède, prises dans l'ultraviolet par le télescope spatial *Hubble*, a révélé que, à l'équateur, la température s'élève assez aux heures les plus chaudes de la journée pour que la glace se sublime en vapeur.

Nature Astronomy, 26 juillet 2021

Des spirales dans l'intestin

Comment les requins peuvent-ils jeûner plusieurs jours ? Samantha Leigh, de l'université Dominguez Hills, à Carson, aux États-Unis, et ses collègues ont scanné les entrailles de plusieurs spécimens et étudié la curieuse structure en spirale présente dans leur tube digestif. Elle agit comme un système de valves, conçu par Nikola Tesla, qui ralentit un flux à sens unique sans pièces mobiles. Chez le requin, le système digestif a ainsi plus de temps pour extraire un maximum de nutriments de la nourriture.

Proc. R. Soc. B, 21 juillet 2021

Faiseurs d'influence cachés

Promouvoir ses idées par un influenceur n'est pas toujours le mieux pour susciter l'adhésion. Les chercheurs américains Douglas Guilbeault et Damon Centola ont modélisé des réseaux d'individus pour y identifier les plus efficaces pour propager une opinion. Une personne sera convaincue par une idée à contre-courant s'il la voit portée par de nombreux pairs. Une telle opinion se propage donc mieux au sein de groupes en marge, mais ayant de forts liens de proximité.

Nature Comm., 20 juillet 2021

PALÉONTOLOGIE

DINOSAURES : LE DÉCLIN AVANT L'ASTÉROÏDE ?

Peu de doutes subsistent encore sur l'hypothèse d'un astéroïde qui se serait écrasé dans le Yucatán, au Mexique, il y a 66 millions d'années, et qui aurait mis un terme à l'ère des dinosaures non aviens. Mais le débat se poursuit pour déterminer si l'impact a causé leur extinction brutalement, ou s'il a porté le coup de grâce à un groupe déjà déclinant. Fabien Condamine, chercheur du CNRS à l'institut des sciences de l'évolution de Montpellier, et ses collègues apportent des arguments en faveur de la deuxième hypothèse.

Ils se sont penchés sur six familles de dinosaures présentes dans les 20 millions d'années précédant l'impact et les mieux documentées d'après les registres fossiles, dont trois familles d'herbivores et trois de carnivores. Les chercheurs ont constaté que le nombre d'extinctions au sein de chaque famille excédait le nombre d'apparitions de nouvelles espèces au Campanien (il y a 84 à 72 millions d'années) puis surtout au Maastrichtien (72 à 66 millions d'années), ce qui suggère un déclin démographique amorcé 10 millions d'années avant l'impact de l'astéroïde.

Les causes ? Un refroidissement global, accru à cette période, aurait perturbé les



Parasaurolophus est l'un des genres de dinosaures qui se sont éteints au Campanien, quelques millions d'années avant l'impact de l'astéroïde sur le Yucatán.

écosystèmes. Les chercheurs mettent aussi en avant l'interdépendance des espèces étudiées. La prolifération d'espèces émergentes chez les hadrosauridés (les dinosaures à bec de canard) aurait réduit la diversité d'autres herbivores qui partageaient les mêmes ressources de nourriture. Ces résultats suggèrent donc que la chute de l'astéroïde, marquant la fin du Crétacé, a accéléré la disparition de nombreuses familles de dinosaures déjà affaiblies, plus qu'il ne l'aurait déclenchée. ■

V. R.

F. Condamine et al., *Nature Communications*, vol. 12, article 3833, 2021

PLANÉTOLOGIE

POURQUOI MERCURE A LE CŒUR GROS

Les planètes telluriques du Système solaire présentent toutes, sous une croûte rocheuse et un manteau silicaté, un noyau de métaux liquides, principalement du fer. Celui de Mercure concentre les trois quarts de la masse de la planète, contre un tiers pour la Terre et Vénus, et un cinquième sur Mars. William McDonough, de l'université du Maryland, aux États-Unis, et Takashi Yoshizaki, de l'université du Tōhoku, au Japon, proposent une explication à cette disproportion héritée de l'époque de la formation du Système solaire. Autour de notre étoile gravitait alors un disque protoplanétaire, un nuage de gaz et de poussière. Le champ magnétique du Soleil aurait contribué à concentrer certains éléments plus près de l'étoile, dont le fer. Quand ce nuage s'est refroidi, ses composantes se sont agrégées



La proximité de Mercure avec le Soleil et l'intensité de son champ magnétique expliqueraient la masse de son noyau.

pour former les planètes telluriques, d'autant plus riches en fer qu'elles se sont constituées près du Soleil. Ce scénario expliquerait la teneur en fer de Mercure et la taille exceptionnelle de son noyau. ■

V. R.

W. McDonough et T. Yoshizaki, *Progress in Earth and Planetary Science*, vol. 8, article 39, 2021