

UNE THÈSE EN MATHÉMATIQUES PRIMÉE

Vladimir Kazeev, post-doctorant à la Section de mathématiques, a reçu la « ETH Medal » pour sa thèse de doctorat, intitulée « Quantized tensor-structured finite elements for second-order elliptic PDEs in two dimensions ».

SWISSDECODE DISTINGUÉ PAR UN ACCÉLÉRATEUR DE START-UP

SwissDeCode, une spin-off de l'UNIGE, a été distinguée par le MassChallenge suisse. L'entreprise, qui a mis au point une technologie pour contrôler la qualité des produits de consommation, s'est vu décerner 50 000 francs par le principal accélérateur de start-up au monde.

ERIC HUYSECOM ÉLU À LA TÊTE DE LA SAFA

Le professeur Eric Huysecom (Unité d'anthropologie) a été élu à la présidence de la Society of Africanist Archaeologists (SAFA), une instance fondée en 1990 à l'Université de Floride.

ALINE HELG REMPORTE UN PRIX AUPRÈS DES LECTEURS DE « L'HEBDO »

L'ouvrage *Plus jamais esclaves!* d'Aline Helg, professeure au Département d'histoire générale (Faculté des lettres), a remporté le Prix de l'essai des lecteurs de *L'Hebdo* 2016.

LE PRIX VONTOBEL RÉCOMPENSE SASCHA ZUBER

Sascha Zuber, doctorant au Laboratoire de vieillissement cognitif, a été récompensé par le prix Vontobel. Doté de 10 000 francs, celui-ci distingue des recherches sur le vieillissement.

GÉOLOGIE MARINE

DE L'ADN DANS LES SÉDIMENTS RÉVÈLE LES TSUNAMIS DU PASSÉ

L'ADN d'organismes marins piégé depuis des millénaires dans des dépôts sédimentaires terrestres représente un outil prometteur pour l'identification et l'étude de tsunamis du passé. Telle est la conclusion à laquelle sont arrivés Jan Pawlowski, professeur associé au Département de génétique et évolution (Faculté des sciences), et ses collègues japonais et polonais dans une étude parue le 28 août dans la revue *Marine Geology*. Les auteurs ont analysé des carottes de sédiments extraites d'une zone humide côtière de l'île d'Hokkaido au nord du Japon. Ils y ont découvert du matériel génétique préservé dans des dépôts successifs d'une série de raz de marée connus et dont le plus ancien date d'il y a environ 2000 ans.

Il s'agit d'ADN appartenant à différentes espèces de foraminifère, des unicellulaires marins munis, pour la plupart d'entre eux, d'un squelette externe, appelé test. La forme de cette « coquille » varie beaucoup d'une espèce à l'autre, ce qui facilite en général leur identification. Dans l'étude d'Hokkaido, aucun test n'a été retrouvé dans les sédiments, seulement du matériel génétique mélangé à du sable riche en silicate, ce qui a permis sa préservation.

Cette trouvaille est importante dans la mesure où il existe peu de documentation historique sur les tsunamis de grande ampleur permettant d'établir une évaluation fiable des risques qui leur sont associés. Les deux derniers événements sont là pour le rappeler, celui du



26 décembre 2004 dans l'océan Indien et celui du 11 mars 2011 au large du Japon, qui ont hissé les tsunamis au rang de catastrophe naturelle causant le plus de victimes et de dégâts matériels et économiques.

Les archives géologiques fournissent certes un certain nombre de renseignements sur les raz de marée plus anciens tels que l'extension minimale, la profondeur et la vitesse de progression des inondations d'eau de mer qui leur sont associés.

Le problème, c'est que l'identification de ces dépôts est souvent difficile, voire impossible, notamment parce qu'ils se confondent avec les sédiments normaux de la région ou parce qu'ils sont rapidement dégradés.

L'étude parue dans *Marine Geology* apporte la preuve de principe que l'analyse de l'ADN d'organismes marins piégé dans les sédiments représente une technique capable de contourner ces obstacles.

PHARMACIE

TROUVER LES BONNES COMBINAISONS DE MÉDICAMENTS

Dans un article paru le 14 janvier dans la revue *Nature Protocols*, Patrycja Nowak-Sliwiska, professeure assistante à la Section de pharmacie (Faculté des sciences) et ses collègues décrivent un protocole facilitant la découverte de combinaisons synergiques de médicaments pour le traitement de diverses maladies, y compris les cancers et les maladies infectieuses.

Selon les auteurs, la combinaison synergique de médicaments permet d'administrer des doses de produit plus faibles – ce qui réduit les

effets secondaires et les risques d'apparition de résistance – tout en étant plus efficace que les médicaments pris de manière isolée.

Pour faire face au nombre énorme de combinaisons possibles, les chercheurs ont développé une méthode alliant des tests expérimentaux et l'utilisation d'algorithmes permettant d'économiser des mois d'efforts en laboratoire. La durée d'un processus complet d'optimisation est estimée à environ quatre semaines.

LE DÉTECTEUR POLAR A ÉTÉ MIS SUR ORBITE PAR LA CHINE



Le détecteur d'astroparticules POLAR a été lancé avec succès le 15 septembre depuis Jiuquan en Chine et est actuellement installé sur le laboratoire spatial chinois «Tiangong 2». POLAR est issu d'une collaboration de dix ans entre des chercheurs du Département de physique nucléaire et corpusculaire (Faculté des sciences), de l'Institut Paul Scherrer, de l'Institut of High Energy Physics de Beijing et du Narodowe Centrum Bada Jadrowych de Pologne. Son objectif consiste à mesurer durant deux ans la polarisation des photons émis par les sursauts gamma. Ces derniers sont des explosions puissantes et rapides générant une lumière très intense. Survenant environ une fois par jour dans des galaxies lointaines, elles ne durent que quelques secondes. Les scientifiques soupçonnent qu'il s'agit d'explosions d'étoiles hypermassives mais ce n'est encore qu'une hypothèse. La mesure de la polarisation des photons permettra d'obtenir des indices sur le processus de leur production et donc d'identifier la source de ces sursauts.

HORLOGE BIOLOGIQUE

DU RÔLE DE LA TEMPÉRATURE DANS L'HORLOGE BIOLOGIQUE

Chacune de nos cellules possède une horloge moléculaire constituée d'un ensemble de «gènes horlogers». Au cours de la journée, l'expression de ces gènes varie et cette fluctuation influence de nombreuses fonctions biologiques dont la température du corps. Cette dernière agit à son tour sur la production quotidienne d'une protéine, appelée CIRBP, qui, bouclant ainsi la boucle, renforce l'activation de certains gènes horlogers. Dans un article paru le 15 septembre dans la revue *Genes & Development*, une équipe

du Département de biologie moléculaire (Faculté des sciences), en collaboration avec des chercheurs de l'École polytechnique fédérale de Lausanne, montre comment, dans cette boucle complexe, la cellule parvient à produire la bonne quantité de protéine CIRBP au cours de la journée. Cette protéine joue par ailleurs un rôle essentiel dans le développement de certains cancers puisqu'elle a la capacité d'accélérer ou de ralentir la prolifération de cellules malignes.

BIOLOGIE MOLÉCULAIRE

SUIVRE L'ACTIVITÉ DE 3000 GÈNES EN MÊME TEMPS, C'EST POSSIBLE

Une équipe de biologistes genevois a mis au point une technique permettant d'identifier tous les facteurs de transcription impliqués dans n'importe quel processus cellulaire et en réponse à n'importe quel signal biologique. Ce résultat a été publié dans la revue *Genes & Development* du 15 août. Les applications sont innombrables, que ce soit dans le domaine médical ou dans celui de la biologie fondamentale.

Toutes les cellules du corps produisent des protéines en réponse à des signaux qu'elles perçoivent de l'extérieur. Les cellules bêta du pancréas fabriquent par exemple de l'insuline juste après le repas pour capter le sucre dans le sang, tout comme les globules blancs se mettent à sécréter des anticorps lorsqu'un microbe indésirable envahit l'organisme.

Le signal extérieur capté par la cellule active est plus précisément une cascade biochimique à l'issue de laquelle un facteur de transcription finit par se lier à des séquences d'ADN spécifiques dans une région appelée «promoteur» et située en amont du gène visé. Ce dernier se réveille alors et met en route la machine à synthétiser la protéine souhaitée.

«Il existe plus de 1000 facteurs de transcription humains qui régulent l'essentiel des processus cellulaires», explique Ueli Schibler, professeur honoraire au Département de biologie moléculaire (Faculté des sciences). *Pouvoir identifier en parallèle tous ceux impliqués dans diverses fonctions permettrait de gagner beaucoup de temps dans de nombreux projets de recherche.*

A cette fin, le biologiste et son groupe ont mis au point une technique de criblage basée sur une librairie de quelque 3000 promoteurs suivis d'un marqueur de luminescence et de «codes-barres génétiques». La totalité de ces promoteurs est introduite dans des cellules humaines en culture qui sont ensuite stimulées par un signal. Les gènes de la librairie qui sont ainsi activés produisent de l'ARN messager que l'on peut identifier grâce aux codes-barres auxquels ils sont associés. L'analyse permet de retrouver les promoteurs puis, à l'aide d'une base de données existante, les facteurs de transcription qui se lient à ces séquences.

Cette méthode, baptisée *Barcoded Synthetic Tandem Repeat Promoter (BC-STAR-PROM) screening*, s'appuie sur une technique mise au point par le groupe en 2013 déjà mais qui ne fonctionnait alors qu'avec un promoteur à la fois. Elle a été optimisée afin de pouvoir suivre simultanément l'activité de quelque 3000 d'entre eux au cours d'une seule expérience.

La technologie peut être appliquée à n'importe quel projet de recherche visant à explorer l'effet cellulaire d'un signal biologique ou d'une substance chimique. Elle permet par exemple d'identifier les facteurs de transcriptions activés – ou inhibés – par un médicament, une infection ou un traitement. Les chercheurs genevois ont déjà utilisé leur technique pour identifier les facteurs de transcription stimulés par la vinblastine, un médicament employé en chimiothérapie pour traiter différents types de tumeurs.

NEUROSCIENCES

VUE, TOUCHER ET OÛIE À PARTIR DES MÊMES GÈNES



Dans le cerveau d'un nouveau-né, le traitement de la vision, du toucher et de l'ouïe n'est pas encore totalement au point. A ce moment, les gènes exprimés dans les neurones destinés à prendre en charge chacun de ces sens sont en effet identiques. C'est un peu comme des kits, connectés aux organes récepteurs (yeux, peau, tympons...), qui commencent à se différencier dès que les premiers stimuli extérieurs parviennent au cerveau. C'est ce que montre une étude menée par l'équipe de Denis Jabaudon, professeur au Département des neurosciences fondamentales (Faculté de médecine), et parue dans la revue *Nature* du 6 octobre.

Les chercheurs sont partis du constat que les circuits neuronaux de la vue, du toucher et de l'ouïe, lorsqu'ils sont en place, suivent un chemin identique. Celui-ci commence par l'excitation d'un récepteur sensible à la lumière ou à une pression mécanique. L'activation est alors directement transmise vers des «noyaux d'ordre inférieur» situés dans le thalamus, une partie du cerveau qui est en quelque sorte

le standard de réception et de distribution des stimuli liés à la perception du monde extérieur.

Le signal effectue ensuite un curieux va-et-vient: il monte une première fois dans le cortex, siège de la perception consciente, avant de redescendre vers le thalamus (dans des «noyaux d'ordre supérieur», cette fois-ci) puis de remonter une seconde fois dans le cortex (là aussi dans une aire distincte et voisine de la première).

Les chercheurs genevois ont étudié très précisément l'expression génétique et les câblages neuronaux du cerveau de souris jeunes de 3 jours, un âge où les neurones du thalamus, après une période de croissance, atteignent le cortex.

Il en ressort qu'au cours du développement, les circuits neuronaux tactiles, visuels et auditifs possèdent initialement une structure d'expression génétique commune. Celle-ci est, dans un second temps, modulée par les stimuli provenant des organes de perception situés dans les yeux, les oreilles et la peau. Ce processus ne prend que quelques jours chez la souris et probablement de nombreux mois chez l'être humain. Ces résultats expliquent comment ces voies peuvent se compenser mutuellement, par exemple lorsque le toucher ou l'ouïe se développent au-delà de la normale chez les aveugles de naissance. Ils permettent aussi d'expliquer comment des interférences sensorielles, y compris les synesthésies (associations de deux ou plusieurs sens, comme la perception de couleurs lorsqu'on entend un son) et les hallucinations, se produisent chez les personnes atteintes de troubles neuro-développementaux tels que l'autisme ou la schizophrénie.

MÉDECINE

PLUS DE TROUBLES PSYCHIQUES QUE PRÉVU CHEZ LES AÎNÉS

Une personne âgée sur deux a souffert de troubles psychiques au cours de sa vie et une sur trois au cours de la dernière année. Près d'une sur quatre est touchée en ce moment par une de ces affections, les plus fréquentes étant l'anxiété, les troubles de l'humeur et ceux liés à l'abus de substances. Cette prévalence est significativement plus élevée que ce que les études antérieures ont montré jusqu'à présent. Telle est la conclusion d'une vaste étude européenne (MentDis_ICF65+) publiée dans *The British*

Journal of Psychiatry du mois de septembre 2016 et à laquelle a participé Alessandra Canuto, privat-docent au Département de psychiatrie (Faculté de médecine). Conduite dans six pays, dont la Suisse, et auprès de 3142 hommes et femmes âgés de 65 à 84 ans, l'enquête est basée sur un questionnaire spécialement mis au point. Celui-ci utilise notamment des phrases simples afin de s'adapter aux capacités cognitives des personnes âgées qui souffrent en particulier de problèmes d'attention.

DEUX PROFESSEURS AU CONSEIL DE LA RECHERCHE DU SNS

Ruth Durrer, professeure au Département de physique théorique, et Alberto Morpurgo, professeur au Département de physique de la matière quantique (Faculté des sciences), ont été élus au Conseil de la recherche du Fonds national pour la recherche scientifique au sein de la Division «mathématiques, sciences naturelles et de l'ingénieur».

ERASMUS+ EST PROLONGÉ JUSQU'À FIN 2017

Le Conseil fédéral a annoncé qu'il prolongeait jusqu'à fin 2017 la solution transitoire pour la participation de la Suisse au programme européen de mobilité «Erasmus +». Les étudiants, les personnes en formation et les professionnels suisses de tous les niveaux de formation continueront de profiter des activités de mobilité européenne, tandis que les institutions suisses de formation pourront participer à des projets de coopération avec leurs partenaires européens.

<http://unige.ch/~erasmus-plus>

PRIX DE L'INNOVATION À TROIS CHERCHEURS DES SCIENCES PHARMACEUTIQUES

Chercheurs à la Section des sciences pharmaceutiques (Faculté des sciences), Pierre Maudens, Eric Allémann et Olivier Jordan ont obtenu le 20 octobre dernier le Prix 2016 de l'Innovation offert par la Fondation privée des Hôpitaux universitaires de Genève (HUG). Cette distinction récompense leur projet «HA-nano», du nom d'un dérivé de l'acide hyaluronique formant spontanément des nanoparticules susceptibles de traiter l'arthrose et d'être utilisé pour des applications dermatologiques.

GÉNÉTIQUE

DES CHERCHEURS ONT DÉCODÉ LE GÉNOME D'UN RAVAGEUR DE FEUILLUS, LE CAPRICORNE ASIATIQUE



Une équipe de généticiens a réalisé le séquençage complet du génome du coléoptère *Anoplophora glabripennis*, aussi connu sous les appellations de longicorne ou capricorne asiatique. Cette avancée ouvre la voie à une meilleure compréhension de la biologie de cette espèce d'insecte invasive venue d'Asie et qui s'attaque depuis plusieurs années aux érables, bouleaux, saules, ormes et peupliers d'Europe

et d'Amérique du Nord. Publiée le 11 novembre dans la revue *Genome Biology*, cette étude a impliqué des chercheurs de 30 institutions à travers le monde parmi lesquels Panagiotis Ioannidis et Robert Waterhouse, tous deux chercheurs au Département de médecine génétique et développement (Faculté de médecine) et à l'Institut suisse de bioinformatique.

Le capricorne asiatique a probablement été importé dans les années 1990 sous forme de larves cachées à l'intérieur de caisses de transport en bois.

La femelle adulte se fraie en effet un chemin à travers l'écorce des arbres pour pondre ses œufs dans un petit trou. Dès l'éclosion, la larve dispose ainsi autour d'elle de tout ce qu'il faut pour se nourrir. En croissant, elle fore de nouveaux tunnels qui pénètrent profondément dans le cœur des arbres. Au cours d'un cycle de vie, elle peut consommer jusqu'à 1000 cm³ de bois.

Une fois adultes, les coléoptères produisent en général la génération suivante dans l'arbre où ils sont nés. Les infestations trop massives finissent toutefois par tuer ce dernier, obligeant le parasite à se disperser sur d'autres hôtes.

Aujourd'hui, de nouvelles lois imposent aux

matériaux de transport en bois provenant de Chine d'être traités de manière à tuer les larves d'*Anoplophora glabripennis*. Ces mesures, alliées à des inspections régulières des arbres et à une sensibilisation croissante de la population ont contribué à limiter les nouvelles invasions et la diffusion du parasite, notamment en Suisse.

Mais le mal est fait et le longicorne asiatique est inscrit par l'Office fédéral de l'environnement sur la liste des plus de 100 espèces invasives présentant une menace dans le pays, au même titre que le moustique tigre, la pyrale du buis ou la coccinelle asiatique. L'Institut fédéral de recherches sur la forêt, la neige et le paysage le considère, quant à lui, comme le ravageur le plus dangereux s'attaquant aux feuillus.

Entre autres choses, le séquençage et l'annotation du génome du coléoptère ont permis d'identifier le jeu entier de gènes permettant à cet insecte de se nourrir du bois des arbres. Le développement de ce répertoire génétique doit beaucoup à la duplication de nombreuses séquences (et à l'acquisition par ces copies de fonctions différentes) mais aussi à l'acquisition de nouveaux gènes provenant de champignons ou de bactéries.

ABONNEZ-VOUS À « CAMPUS » !

Découvrez les recherches genevoises, les dernières avancées scientifiques et des dossiers d'actualité sous un éclairage nouveau. Des rubriques variées vous attendent traitant de l'activité des chercheurs dans et hors les murs de l'Académie. L'Université de Genève comme vous ne l'avez encore jamais lue!

Université de Genève
Presse Information Publications
24, rue Général-Dufour
1211 Genève 4
Fax 022 379 77 29
campus@unige.ch
www.unige.ch/campus

Abonnez-vous par e-mail (campus@unige.ch) ou en remplissant et en envoyant le coupon ci-dessous :

Je souhaite m'abonner gratuitement à « Campus »

Nom

Prénom

Adresse

N° postal/Localité

Tél.

E-mail

BIOLOGIE

LE TALON D'ACHILLE DE LA RÉSISTANCE AUX ANTIBIOTIQUES

La bactérie *Pseudomonas aeruginosa* a mauvaise réputation. Elle est responsable d'infections mortelles et du développement de résistances aux antibiotiques de dernier recours. Dans un article paru le 3 octobre dans la revue *Genes*, Karl Perron, chargé d'enseignement au Département de botanique et biologie végétale (Faculté des sciences), et ses collègues présentent toutefois ce qu'ils estiment être le talon d'Achille du redoutable pathogène.

Pseudomonas aeruginosa est une bactérie ubiquitaire que l'on trouve aussi bien dans la terre que dans l'eau. Opportuniste, ce microorganisme est capable de coloniser et de survivre à l'intérieur de l'être humain. Profitant d'un affaiblissement de son hôte, il peut même devenir pathogène. Les infections qu'il provoque sont difficiles et parfois impossibles à traiter en raison de sa résistance à de nombreux types d'antibiotiques. Les chercheurs savent que des concentrations élevées de certains métaux tels que le zinc peuvent induire chez ces bactéries une

telle résistance, en particulier aux antibiotiques de dernier recours de la famille des carbapénèmes, tout en provoquant une hausse de leur virulence. Il se trouve que le zinc est parfois présent en quantités anormales dans les sécrétions pulmonaires de patients atteints de mucoviscidose et dans certaines sondes urinaires.

Les carbapénèmes pénètrent dans les bactéries en passant à travers une porine particulière, une sorte de canal servant normalement à importer des nutriments. Le zinc a pour effet d'induire une répression de la production de cette porine. Dans l'article de *Genes*, l'équipe de Karl Perron montre que le principal acteur de cette répression est la protéine bactérienne *Host factor q* (Hfq).

En étudiant une bactérie mutante modifiée de telle façon qu'elle n'exprime pas Hfq, les scientifiques ont découvert qu'elle ne réagit plus au zinc et à d'autres métaux, devenant par conséquent incapable de développer une résistance aux carbapénèmes.

NOUVEAU CENTRE DE COMPÉTENCES EN ÉTUDES EUROPÉENNES

L'Université de Genève a inauguré, le vendredi 21 octobre, un «Centre de compétences Dusan Sidjanski en études européennes». Logée au sein du Global Studies Institute, la structure, nommée en l'honneur d'un ancien professeur, sera dédiée à l'enseignement et à la recherche en études européennes.

UNE THÈSE SUR LE TRAITEMENT DE L'EAU EN MALAISIE PRIMÉE

Fatehah Mohd Omar, doctorante de l'Institut des sciences de l'environnement ayant soutenu sa thèse en 2015, obtient le prix «L'Oréal Unesco for Woman in Science 2016». Ses travaux portent sur la question de l'optimisation des processus de traitement de l'eau en Malaisie. Cette distinction est assortie d'une bourse.

SCIENCES DE LA TERRE

IL Y A 4 MILLIARDS D'ANNÉES, LES PREMIERS CONTINENTS SE SONT FORMÉS COMME L'ISLANDE



Une étude publiée le 19 septembre dans la revue *Nature Geoscience* a permis de donner un âge précis à la plus ancienne roche continentale connue sur Terre. Un échantillon prélevé sur des gneiss du nord-ouest du Canada a en effet été daté à 4,02 milliards d'années avant notre ère, c'est-à-dire vers la fin du premier éon géologique appelé l'Hadéen (une période qui couvre celle allant de 4,6 à 4 milliards d'années avant notre ère). A cette époque, la planète était alors entièrement couverte d'un vaste océan. Il n'existe alors que de la croûte océanique.

La croûte continentale, plus légère et d'une composition chimique très différente, commence à peine à apparaître. Tout l'enjeu consiste à savoir à quoi elle ressemblait.

«Des roches continentales aussi anciennes sont extrêmement rares aujourd'hui», explique Joshua Davies, post-doctorant dans l'équipe d'Urs Schaltegger, professeur au Département des sciences de la terre (Faculté des sciences), et coauteur de l'article. *On connaît donc mal leur composition qui est*

pourtant une donnée essentielle pour comprendre comment les tout premiers continents ont évolué.»

L'un des affleurements connus sont les gneiss d'Acasta dans les Territoires du nord-ouest au Canada, qui représentent le morceau de croûte continentale le plus ancien que l'on connaisse.

Les chercheurs ont analysé des cristaux de zircon contenus dans des échantillons prélevés sur place. Ces cristaux sont aussi vieux que la roche. Ils croissent progressivement lors du refroidissement du magma et leur

composition fournit des renseignements sur ce processus et sur les conditions qui l'ont entouré. Il en ressort d'abord que ces gneiss sont effectivement vieux de 4,02 milliards d'années. Les auteurs apportent ainsi la preuve qu'il s'agit bien de la plus ancienne roche continentale connue. Ensuite, l'analyse de la composition isotopique des cristaux de zircon ainsi que celle de la roche dans son ensemble ont montré que cette unité géologique n'a pas subi de dérive ni d'interaction avec une éventuelle plaque continentale plus ancienne encore.

«Cela signifie que le morceau de croûte continentale que nous avons étudié est apparu dans un contexte dans lequel la tectonique des plaques n'existait pas encore», précise Joshua Davies. *Nos résultats montrent qu'il a été formé par cristallisation fractionnée à partir d'un magma basaltique. En d'autres termes, ce gneiss est né de la fusion de la croûte océanique sous l'effet probable d'une remontée de magma. C'est le même phénomène qui a été à l'œuvre pour la formation de l'Islande. La majorité de la croûte continentale qui existe aujourd'hui sur Terre est issue d'un processus de production très différent, basé notamment sur le phénomène de la subduction.»*

GÉNÉTIQUE

L'UNIVERSITÉ DE GENÈVE PARTICIPE AU DÉCRYPTAGE DU GÉNOME DU SPHINX DU TABAC



TRAVIS SWITT

« Qui es-tu ? » demande d'une voix endormie et traînante la chenille fumeuse de narguilé à l'héroïne d'*Alice au pays des merveilles*. « Qui es-tu toi-même ? » interrogent à leur tour les 114 scientifiques signataires d'un article paru le 12 août dans le journal *Insect Biochemistry and Molecular Biology*. Et les auteurs, parmi lesquels compte Robert Waterhouse, chercheur au Département de médecine génétique et développement (Faculté de médecine), de fournir une réponse avec la publication du génome complet de *Manduca sexta*, une chenille qui a peut-être inspiré Lewis Carroll lors de l'écriture de son roman et dont la forme adulte est un papillon connu sous le nom de sphinx du tabac.

Ravage dans les cultures Cet insecte vit en Amérique où sa larve fait des ravages dans les cultures de tabac, de pommes de terre, de tomates et de poivrons. L'appétit insatiable de la chenille se retrouve d'ailleurs dans son nom, *Manduca* signifiant glouton en latin. Une caractéristique qui explique aussi comment elle peut atteindre une taille de 10 centimètres et un poids de 10 grammes.

Les mensurations exceptionnelles de ce lépidoptère facilitent sa dissection et la reconnaissance de ses organes, ce qui en fait un excellent modèle de laboratoire. Facile à élever, l'insecte

est ainsi utilisé depuis une quarantaine d'années pour des expériences biochimiques et physiologiques.

Jusqu'à présent, ces études en laboratoire ont permis d'effectuer des avancées notables dans de nombreux domaines tels le développement animal et la métamorphose des insectes, les fonctions du système immunitaire et leur rôle dans les interactions avec les agents pathogènes ou les parasites, la chimie mise en œuvre dans la lutte entre les insectes nuisibles et les plantes sur lesquels ils se nourrissent, etc.

Le séquençage et l'annotation du génome entier du sphinx du tabac permettent désormais aux chercheurs d'identifier les composants génétiques qui se trouvent à la base des processus biologiques qu'ils étudient depuis des années. Rien que dans le domaine du système immunitaire, les chercheurs ont ainsi mis en évidence 600 nouveaux gènes impliqués dans les phénomènes de défense contre certains pathogènes.

En tout, *Manduca sexta* compte 15 451 gènes. Il n'est pas le premier lépidoptère (un ordre qui compte tout de même plus de 150 000 espèces) à voir son génome séquencé. Avant lui, le ver à soie (*Bombyx mori*), les papillons *Danaus plexippus*, *Heliconius melpomene*, *Melitaea cinxia*, *Papilio glaucus*, *Plutella xylostella* et *Spodoptera frugiperda* sont également passés par là.

« Une des curiosités du génome de ces animaux est que l'ordre des gènes est préservé entre les différentes espèces de papillons, ce qui n'est pas du tout le cas chez les autres insectes, commente Robert Waterhouse. Cette particularité est peut-être due aux propriétés structurelles spéciales des chromosomes de ces lépidoptères. »

Feuilles de mûre Le sphinx du tabac appartient à la même super famille que le ver à soie (les *Bombycoidea*), ce qui aurait pu constituer un obstacle à la mobilisation de tant d'efforts pour le décodage de son génome. Mais la biologie des deux espèces diffère radicalement. Le second est en effet un insecte domestiqué se nourrissant exclusivement de feuilles de mûres tandis que le premier est un animal sauvage se repaissant de plusieurs espèces de solanacées. Ce régime alimentaire a d'ailleurs poussé *Manduca sexta* à trouver des solutions physiologiques pour tolérer des substances chimiques toxiques dont la nicotine.

Autre particularité : le sphinx du tabac représente une cible de choix pour la guêpe parasitoïde *Cotesia congregata* qui pond ses œufs dans la larve, ce qui entraîne sa mort. Un phénomène qui est utilisé comme lutte biologique pour contrôler ce ravageur et préserver les cultures.