

d'un échantillon datant de la période du néolithique tardif. Enfin, la comparaison de cette séquence avec celles de différents groupes ethniques indique que l'Homme des Glaces est le plus proche des populations du centre et du nord de l'Europe [3]. Ainsi donc, l'Homme des Glaces n'est pas un canular et l'extraordinaire richesse archéologique qu'il représente va pouvoir être calmement exploitée en dehors de l'hystérie médiatique qu'il avait provoquée lors de sa découverte.

E.D.

1. Bahn PG, Everett K. Iceman in the cold light of day. *Nature* 1993 ; 362 : 11-2.

2. Seidler H, Bernhard W, Teschler-Nicola M, Platzer W, Nedden D, Henn R, Oberhauser A, Sjøvold T. Some anthropological aspects of the prehistoric tyrolean ice man. *Science* 1992 ; 258 : 255-7.

3. Handt O, Richards M, Trommsdorff M, Kilger C, Simanainen J, Georgiev O, Bauer K, Stone A, Hedges R, Schaffner W, Utermann G, Sykes B, Paabo S. Molecular genetic analyses of the tyrolean ice man. *Science* 1994 ; 264 : 1775-8.

4. Paabo S, Irwin DM, Wilson AC. DNA Damage promotes jumping between templates during enzymatic amplification. *J Biol Chem* 1990 ; 265 : 4718-21.

■■■ BRÈVES ■■■

■■■ **Réparation directe par la télomérase d'extrémités subtélomériques tronquées.** L'extrémité du bras court du chromosome 16 est particulièrement propice à l'étude des mécanismes de troncation et de réparation par la télomérase. L'ensemble des gènes constituant le locus α -globine est en effet très proche de cette extrémité ; leur structure est parfaitement connue, leur amputation se traduit par un phénotype α -thalassémique clairement identifié. Un premier cas avait été décrit par le groupe de D.R. Higgs à Oxford en 1990 (*m/s* n° 10, vol. 7, p. 1091). La même équipe vient, par l'étude d'une série de troncations naturelles de ce même bras court du chromosome 16 (16p13.3), de caractériser le mécanisme de réparation et de stabilisation par lequel agit la télomérase [1]. Le point de cassure exact a été déterminé et analysé par séquençage. Dans les six cas, les chromosomes tronqués ont été stabilisés par l'addition directe à l'ADN non télomérique de la séquence répétitive hexamérique du télomère (TAAGGG)_n. Aucun motif commun n'a été retrouvé entre les différents points de cassure. Dans cinq cas sur six on constate que les trois ou quatre derniers nucléotides précédant ce point d'addition sont complémentaires et en phase avec

la matrice supposée de la télomérase. Une telle complémentarité se retrouve statistiquement dans un ADN environ tous les 10 nucléotides, ce qui pourrait impliquer l'action minimale d'une exonucléase jusqu'au point de révélation du triplet nécessaire. Dans le sixième cas, cette courte complémentarité n'a pas été retrouvée, mais a été rétablie par l'addition de deux nucléotides « orphelins », qui n'appartiennent ni au chromosome d'origine ni à l'hexamère télomérique. Ces observations semblent donc confirmer qu'une réparation chromosomique par la télomérase peut se faire sur une extrémité tronquée, sans séquence particulière, et que cette réparation stabilise le télomère. Cette stabilité a été vérifiée par l'analyse détaillée de cinq méioses successives.

Les extrémités télomériques des différents chromosomes présentent souvent une densité élevée de gènes de structure. Des réarrangements non décelables en cytogénétique, du type de ceux qui ont été retrouvés dans ces cas d' α -thalassémie, pourraient être responsables d'autres maladies génétiques humaines.

[1. Flint J, et al. *Am J Hum Genet* 1994 ; 55 : 505-12.]