

---

relief l'intérêt des modèles animaux pour l'élaboration des stratégies et l'évaluation des résultats, d'analyser les premières applications chez l'homme, de souligner l'exigence d'une grande rigueur dans l'établissement des protocoles et dans l'évaluation des risques. La méthode en étant encore à ses balbutiements, les problèmes de sa mise en œuvre ne se posent pas encore. Ils seront liés, notamment, au caractère de haute technologie de cette approche thérapeutique qui tranche douloureuse-

ment avec la répartition géographique de la majorité des malades relevant potentiellement d'une telle thérapie. Rappelons que la thérapie génique somatique s'oppose à la thérapie génique germinale. Nulle allusion n'a été faite à Montvillargenne, à cette perspective que la majorité des scientifiques rejette comme non éthique et qui, de plus est sans indication pertinente chez l'homme.

A.K.  
P.B.

---

## ■■■ BRÈVES ■■■

■■■ **Des homéogènes chez les végétaux.** Les homéogènes regroupent tous les gènes qui codent pour des protéines contenant un motif peptidique du type « boîte homéo » (*homeo box*). Le motif homéo a une structure de type « hélice-tour-hélice » par laquelle il interagit avec des séquences spécifiques d'ADN. Les homéogènes interviennent dans le développement (gènes homéotiques de la drosophile, gène *Hox* des mammifères) et dans la régulation transcriptionnelle de l'expression génétique (gènes codant pour la famille des facteurs transcriptionnels Pou) (*m/s* n° 7, vol. 3, p. 428 ; n° 8, vol. 3, p. 487 ; n° 3, vol. 5, p. 172). Une équipe californienne vient maintenant de démontrer que les végétaux possèdent également des gènes de développement codant pour des protéines à motif homéo. Le gène *knotted-1* (*Kn1*) est défini par des mutations dominantes qui entraînent des anomalies du développement des feuilles. L'origine de ces mutations est soit une duplication en tandem, soit l'insertion d'éléments mobiles. L'équipe californienne (Albany et Berkeley,

USA), à l'origine de cette découverte, s'est servie du motif homéo du gène *Kn1* pour isoler d'une banque d'ADN complémentaire plusieurs clones codant pour d'autres protéines à motif homéo [1]. Les gènes correspondants semblent eux aussi ségréger avec des mutations entraînant une anomalie du développement des feuilles. Il s'agit là de la toute première démonstration que des homéogènes peuvent être impliqués dans le développement des organismes du règne végétal ; les analogies de séquences entre les boîtes homéo de gènes de maïs et ceux d'homéogènes connus sont maximales avec un gène de levure (*Schizosaccharomyces pombe*) et de mammifères (gène humain *Prl*, *pre-B cell leukemia*). Cela suggère que l'origine du motif peptidique homéo remonte à un ancêtre commun des règnes végétal et animal. Tout au long de l'évolution des espèces, il semble que ce motif ait continué d'être utilisé comme un outil de la régulation de l'expression des gènes, puis de contrôle du développement. [1. Vollbrecht E, et al. *Nature* 1991 ; 350 : 241-3.]