

beaucoup progressé grâce aux simulations numériques qui décrivent l'évolution du gaz et des étoiles au sein des galaxies. Nous commençons à montrer comment se constituent et évoluent les nuages moléculaires géants, et comment s'effectue la formation stellaire en leur sein.

Une vision globale de la galaxie

Cependant, ces simulations nécessitent des mois de calcul sur des superordinateurs. Il est donc impératif de simplifier les modèles pour optimiser le temps de calcul. Certains phénomènes ne sont pas pris en compte. Le champ magnétique galactique, par exemple, n'est pas considéré – un sujet de recherche important pour la suite, car il pourrait influencer sur la dynamique du gaz ionisé. Nous aimerions aussi ajouter à nos modèles des processus à grande échelle, comme les supernovæ et la rotation galactique. Par ailleurs, les simulations de galaxies considèrent des galaxies spirales régulières isolées, alors que la plupart de ces galaxies

interagissent avec d'autres galaxies, ce qui influe sur la dynamique et la formation des bras spiraux.

La naissance des étoiles dans une galaxie est un phénomène complexe résultant de la compétition de forces liées à la gravité, l'électromagnétisme et la physique nucléaire : de la matière diffuse s'agglomère et se condense en donnant des étoiles, qui produisent alors de l'énergie par fusion et des éléments lourds par fusion thermonucléaire, laquelle disperse la matière.

Nous commençons seulement à comprendre cet équilibre subtil qui n'est pas sans conséquence pour l'apparition de la vie. Sans la formation des étoiles et de leur disque environnant de matériau accrété, il n'y aurait pas de planètes. Ainsi, l'étude des galaxies peut aider à comprendre non seulement la formation des étoiles, mais aussi celle des planètes. En faisant le lien entre ces processus à diverses échelles, depuis les étoiles jusqu'aux nuages moléculaires géants et aux galaxies entières, notre vision de l'Univers gagne en clarté et en profondeur. ■

■ BIBLIOGRAPHIE

C. L. Dobbs *et al.*,
The dependence of stellar age
distributions on giant molecular
cloud environment, *MNRAS*,
vol. 437, pp. L31-L35, 2014.

C. L. Dobbs et J. E. Pringle,
The exciting lives of giant
molecular clouds, *MNRAS*,
vol. 432, pp. 653-667, 2013.

C. Bertout, Étoile et disque
protoplanétaire, compagnons
de naissance,
Dossier Pour la Science, n° 64,
juillet-septembre 2009.

C. L. Dobbs, GMC formation
by agglomeration
and self-gravity, *MNRAS*,
vol. 391, pp. 844-858, 2008.

F. Combes, Des vagues
dans la mare galactique,
Dossier Pour la Science, n° 56,
juillet-septembre 2007.



LES RENDEZ-VOUS DU MUSÉUM

{ Partagez les savoirs }

Entrée gratuite

BAR DES SCIENCES

Dimanche 12 octobre - 17h : La matière cristalline sous toutes ses facettes

Café-Restaurant La Baleine — 47 rue Cuvier, Paris 5^e

COURS PUBLICS

Cycle : L'anthropologie de Buffon - principes et postérité

Jeudi 9 octobre – 18h : Milieux physiques et variétés humaines

Jeudi 23 octobre – 18h : Des variétés aux races humaines

C. Blanckaert, Historien des sciences, directeur de recherche au CNRS, Centre Alexandre Koyré

COLLOQUE

Dédié au Pr. Robert Barbault

Jeudi 30 octobre – de 9h à 18h : Pour que nature vive : la biodiversité

Grand Amphithéâtre du Muséum — 57 rue Cuvier, Paris 5^e

CONFÉRENCES

Cycle : Le trésor du Muséum

Lundi 20 octobre – 18h : Relations géosphère – biosphère

P. De Wever, professeur, Muséum

Lundi 27 octobre – 18h : Pourquoi étudier les météorites ?

B. Zanda, maître de conférences, Muséum

Lundi 3 novembre – 18h : La minéralogie : des profondeurs planétaires au corps humain

F. Guyot, professeur, Muséum

MÉTIER DU MUSÉUM

Dimanche 26 octobre - 15h : Conférenciers scientifiques

B. Parisi, et L. Anseaume

Auditorium de la Grande Galerie de l'Évolution — 36 rue Geoffroy St-Hilaire, Paris 5^e

Au Jardin des Plantes

Détails sur jardindesplantes.net, dans "l'agenda du jardin"



David Ecker

Des appareils capables d'identifier rapidement presque n'importe quel pathogène sont en cours de développement. En les installant dans des hôpitaux répartis sur tout le territoire et en les interconnectant, on pourrait détecter et maîtriser les épidémies de façon plus précoce.



Détecter les épidémies plus vite et plus tôt

Jusqu'au début du XX^e siècle, la plupart des gens mouraient avant leur cinquantième anniversaire. Et les décès étaient principalement dus aux maladies infectieuses telles que la variole, la grippe ou la pneumonie.

Aujourd'hui, ces maladies ne tuent presque plus dans les pays développés, grâce à la découverte des antibiotiques et aux progrès dans les domaines de l'hygiène, de la nutrition et des vaccins. Cependant, elles pourraient bientôt causer à nouveau de multiples décès prématurés. L'une des raisons est l'émergence de nouveaux agents dangereux, tels le virus Ebola à l'origine de l'inquiétante épidémie de fièvre hémorragique qui sévit aujourd'hui en Afrique. Une autre raison est que de nombreux micro-organismes deviennent résistants aux médicaments disponibles, que l'industrie pharmaceutique ne remplace pas assez vite.

La prescription excessive d'antibiotiques est l'un des facteurs qui contribuent le plus

à ce problème, et elle est notamment due aux insuffisances des outils de diagnostic actuels. Ces derniers ne peuvent déterminer rapidement, dans le cas d'une maladie bactérienne, quelle souche spécifique est en cause (les bactéries sont les seuls organismes sensibles aux antibiotiques). Dans la plupart des cas, on utilise encore des méthodes anciennes, qui prennent plusieurs jours et qui nécessitent la multiplication préalable des bactéries pathogènes dans un milieu de culture.

Un retard dans le traitement d'un patient pouvant avoir de graves conséquences, les médecins parent souvent à toute éventualité en prescrivant de puissants antibiotiques à large spectre, c'est-à-dire efficaces contre une grande variété de bactéries. Cependant, chaque médicament sélectionne certaines souches résistantes. Leurs compétiteurs décimés, ces souches se multiplient de façon incontrôlée et contaminent d'autres personnes. De telles pratiques médicales

protègent un grand nombre de patients aujourd'hui, mais elles entraînent inévitablement l'émergence de bactéries plus résistantes aux antibiotiques.

La solution pourrait résider dans de nouveaux biocapteurs moléculaires en cours de développement. Ces dispositifs permettront aux médecins de déterminer rapidement le type d'infection (bactérienne ou non) et l'espèce de microbes en cause. De tels outils de diagnostic feront gagner un temps précieux en recherchant tous les pathogènes potentiels à la fois, au lieu de tester chaque micro-organisme l'un après l'autre. Mes travaux au sein de l'entreprise *Ibis Biosciences*, rattachée au groupe *Abbott*, posent les fondements d'un tel outil. D'autres entreprises cherchent à développer des produits similaires.

Ces appareils de diagnostic rapide sont proches d'une application commerciale et devraient être disponibles dans les centres médicaux d'ici quelques années. Nous



pourrions considérablement accroître leur intérêt en les interconnectant à l'échelle d'une nation, voire de la planète entière. Ils constitueraient alors le premier système d'alerte à grande échelle permettant de détecter précocement et en temps réel des maladies nouvelles, des intoxications alimentaires, des pandémies et d'éventuelles attaques bio-terroristes.

Des méthodes datant de plus de 150 ans

Les méthodes actuelles pour diagnostiquer les maladies infectieuses sont fondées sur des techniques de culture développées par Louis Pasteur il y a plus de 150 ans. On collecte un échantillon de tissu du patient – du sang, du mucus ou de l'urine, par exemple –, puis on le transfère dans un flacon rempli de nutriments ou sur un support recouvert d'agar, un extrait d'algues gélatineux qui permet aux pathogènes de

se développer. Au bout d'une journée ou deux, les microbes se sont tant multipliés que les techniciens de laboratoire peuvent les identifier. En examinant si ces cultures meurent en présence de médicaments variés et à quelle vitesse, on en profite pour tester l'efficacité des traitements médicamenteux.

Même si cette méthode était plus rapide, elle ne serait pas idéale. En effet, beaucoup de pathogènes sont difficiles à cultiver, par exemple parce qu'ils ne se multiplient que dans des milieux particuliers. La culture est même parfois vouée à l'échec, quand le prélèvement chez le malade a été réalisé après un premier traitement antibiotique.

J'ai commencé à m'intéresser au diagnostic et au suivi des maladies infectieuses quand je travaillais sur de nouvelles méthodes pour découvrir des antibiotiques, au sein de l'Agence américaine de projets

de recherche avancés pour la défense. L'objectif était de trouver, parmi des milliers de candidats, des composants qui neutralisent de nombreuses espèces de bactéries différentes, en détruisant un segment d'ARN (un acide nucléique similaire à l'ADN et essentiel au fonctionnement de toutes les cellules vivantes) qu'elles ont en commun.

Avec mes collègues, nous avons utilisé des appareils nommés spectromètres de masse pour déterminer si les médicaments potentiels se fixaient à l'ARN bactérien. Ces appareils permettent de déterminer la masse des molécules avec une grande précision. En soustrayant à la masse totale obtenue celle, connue, de l'ARN bactérien, nous pouvions déduire la masse de n'importe quel composant qui y était collé – de la même façon qu'on pèserait un chien en montant avec lui sur une balance et en soustrayant son propre poids. Chaque composant ayant une masse unique, nous

déterminions alors sa nature à partir de sa masse.

Nous avons remarqué que cette technique permettrait d'identifier des bactéries, des virus, des champignons et des parasites. Il suffirait de « peser » quelques brins bien choisis d'ARN ou d'ADN de ces organismes. Chaque brin est composé de sous-unités, ou nucléotides, souvent désignées par des lettres: A (adénine), C (cytosine), G (guanine) et soit U (uracil) pour l'ARN, soit T (thymine) pour l'ADN. Certaines séquences d'acides nucléiques sont caractéristiques de pathogènes donnés.

Retrouver la composition d'un ARN à partir de sa masse

Comme les poids moléculaires des nucléotides diffèrent notablement l'un de l'autre, on peut déterminer la composition d'un brin particulier à partir de sa masse. Par exemple, un brin d'ADN pesant 38765,05 daltons (le dalton correspond à $1/12^e$ de la masse de l'atome de carbone ^{12}C et vaut environ $1,66 \times 10^{-27}$ kilogramme) contient les nucléotides suivants: 43 adénines, 28 guanines, 19 cytosines et 35 thymines. Cette combinaison est la seule à donner cette masse moléculaire précise sans avoir recours à des fractions de nucléotide, qui n'existent pas dans la nature. On déduit ensuite de cette composition l'espèce de micro-organisme correspondante.

Pour identifier les pathogènes, on doit distinguer leur ADN ou leur ARN de ceux du patient dans l'échantillon. La plupart du temps, la quantité d'ADN ou d'ARN étranger présente dans les cultures ne suffit pas pour les mesures et il faut en réaliser des copies. Au lieu d'attendre que les microbes se développent en culture, on utilise une technique nommée amplification par PCR (pour *Polymerase Chain Reaction*, ou réaction en chaîne par polymérase), où des enzymes nommées polymérases dupliquent les acides nucléiques et amplifient ainsi la quantité d'ADN ou d'ARN présente. La PCR sert à détecter des pathogènes depuis longtemps, mais seulement quelques-uns d'entre eux à la fois. Mes collègues et moi l'avons couplée à la spectrométrie de masse, afin de développer une méthode qui autorise la détection simultanée de nombreux organismes.

La clef est de limiter la quantité d'acide nucléique à multiplier par PCR pour obtenir

■ L'AUTEUR



David ECKER est chercheur et inventeur chez Ibis Biosciences, une filiale de la compagnie pharmaceutique américaine Abbott.

un diagnostic certain. Nous y parvenons en étant très sélectifs sur les segments d'ADN ou d'ARN à dupliquer. Nous ne nous intéressons qu'à des séquences de nucléotides connues pour contenir deux sous-régions adjacentes très utiles pour le diagnostic: l'une est commune à tout un groupe de bactéries (par exemple le groupe des bactéries qui se colorent de façon spécifique dans un test nommé coloration de Gram, au fondement de la classification des bactéries depuis le XIX^e siècle) et l'autre est spécifique d'une espèce au sein de ce groupe (par exemple le staphylocoque doré, *Staphylococcus aureus*). Cibler de multiples séquences de ce type permet d'identifier des catégories et des sous-catégories sans allonger inutilement la procédure.

Après avoir extrait l'ARN ou l'ADN des micro-organismes, nous leur ajoutons des amorces, c'est-à-dire de courts morceaux d'ADN similaires à ceux qui amorcent la copie des nucléotides dans une cellule vivante. Ces amorces se fixent sur les fragments ciblés, qui sont multipliés par les enzymes de la PCR. Nous « pesons » ensuite les fragments au moyen du spectromètre de masse, puis nous comparons les valeurs obtenues avec celles d'une base de données, où nous avons répertorié les caractéristiques de plus d'un millier d'organismes connus pour être infectieux chez les humains. Ce dispositif constitue un détecteur universel de pathogènes, capable d'identifier le vecteur de la maladie chez un patient en seulement quelques heures.

Un prototype testé en 2009

Un prototype a été testé dans des conditions réelles en 2009, lorsqu'une fillette de neuf ans et un garçon de dix ans, habitant à deux endroits différents du Sud de la Californie, ont présenté des symptômes ressemblant à ceux de la grippe. Un frottis de la gorge (prélèvement de cellules en raclant la surface) a été effectué chez ces enfants et les échantillons ont été soumis à des tests rapides et standards de dépistage de la grippe. Les résultats suggéraient que le virus de la grippe était bien responsable de la maladie, mais ne permettaient pas d'identifier la souche en cause.

Les échantillons ont été envoyés à la ville voisine de San Diego, où le Centre de recherche médicale de la marine testait

L'ESSENTIEL

■ On développe des détecteurs capables d'identifier en quelques heures une bactérie, un virus ou un parasite ayant contaminé un malade.

■ Grâce à ces biocapteurs, les patients recevraient un traitement adéquat plus tôt et les médecins ne prescriraient plus inutilement certains antibiotiques.

■ L'interconnexion d'un petit nombre de ces détecteurs permettrait de repérer les épidémies de façon précoce.

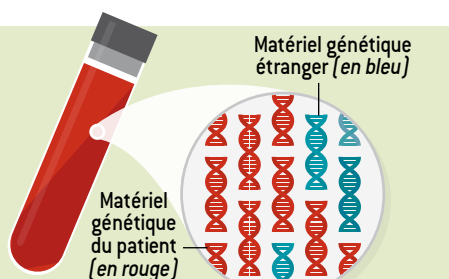
■ Les principaux obstacles à la création d'un tel réseau ne sont pas techniques, mais d'ordre institutionnel.

DES DÉTECTEURS RAPIDES DE PATHOGÈNES

Chez l'homme, quelque 1 000 pathogènes sont susceptibles de causer une maladie. On cherche à développer des appareils capables d'identifier rapidement lequel est présent chez un patient, grâce à une combinaison d'outils empruntés aux mathématiques, à la physique et à la biologie. Un réseau de tels détecteurs de pathogènes, répartis sur le territoire, pourrait émettre des alertes précoces lors du déclenchement d'une épidémie ou d'une attaque biologique. Ces appareils aideraient aussi à choisir les traitements les plus efficaces.

Étape 1

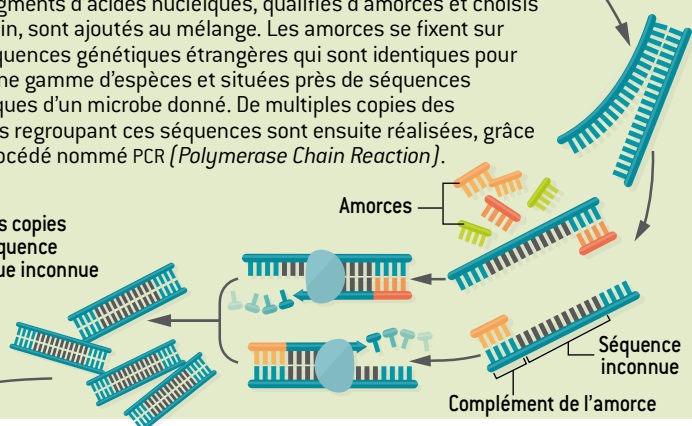
Un technicien fait une prise de sang à un malade. La majorité du matériel génétique (composé d'acides nucléiques) présent dans un échantillon provient du patient, mais une petite partie appartient au micro-organisme qui cause la maladie.



Étape 2

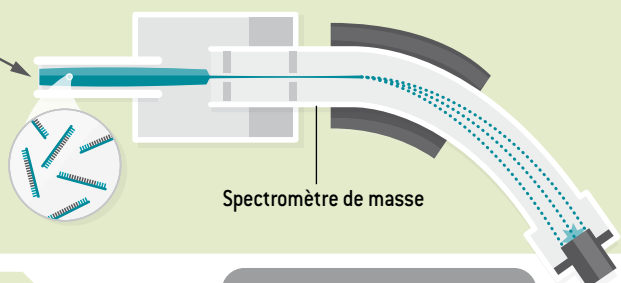
Des fragments d'acides nucléiques, qualifiés d'amorces et choisis avec soin, sont ajoutés au mélange. Les amorces se fixent sur des séquences génétiques étrangères qui sont identiques pour toute une gamme d'espèces et situées près de séquences spécifiques d'un microbe donné. De multiples copies des sections regroupant ces séquences sont ensuite réalisées, grâce à un procédé nommé PCR (Polymerase Chain Reaction).

Multiples copies de la séquence génétique inconnue



Étape 3

Un appareil nommé spectromètre de masse détermine la masse moléculaire du matériel génétique amplifié. On déduit de cette mesure la composition en acides nucléiques des séquences inconnues.



Étape 4

On détermine l'identité du pathogène en comparant la composition en acides nucléiques de ses séquences génétiques avec celles de virus, bactéries ou champignons répertoriés dans une base de données.



notre prototype. Ce dernier a déterminé que les deux enfants avaient été infectés par la même souche virale, alors inconnue. Le dispositif a aussi permis de montrer que le virus avait été récemment transmis à l'homme par les porcs, car son ARN était voisin des souches de grippe répertoriées chez ces animaux. En outre, il correspondait à des échantillons plus tardifs de ce qui allait bientôt être connu comme le virus pandémique de la grippe porcine (H1N1).

L'alerte précoce lancée lors de la découverte de ces deux premiers cas a-t-elle sauvé des vies ? On ne peut l'affirmer, mais elle n'a certainement pas fait de mal, et une technique routinière capable d'identifier une nouvelle souche virale serait en tout cas précieuse pour repérer des débuts d'épidémie.

Les détecteurs universels de pathogènes doivent encore faire leurs preuves dans des situations où les médecins n'ont aucune idée de ce qui rend leurs patients malades. Ils peuvent aussi aider à la prescription de médicaments. En effet, l'identification de la souche de bactéries en cause renseigne sur la sensibilité du pathogène aux différents antibiotiques, et permet de prescrire immédiatement les plus appropriés. Les patients guériraient ainsi plus vite, même quand ils sont infectés par des souches résistantes, car ils recevraient plus tôt le traitement optimal.

Une révolution pour l'épidémiologie

De telles machines permettront aussi aux cliniciens de déterminer rapidement si plusieurs habitants d'une région ont été infectés par le même organisme, telle la salmonelle, une cause répandue d'intoxication alimentaire. Lors d'une enquête épidémiologique, la méthode classique consiste à interroger les patients et à retracer leurs déplacements récents, afin de trouver leur éventuel point commun – comme la fréquentation d'un restaurant particulier ou l'ingestion d'un même ingrédient présent dans une salade.

Cette méthode a été appliquée dès le milieu du XIX^e siècle. Le médecin britannique John Snow s'en est ainsi servi à Londres en 1854 pour identifier l'origine d'une épidémie de choléra : il est alors remonté jusqu'à une pompe à eau collective. Une telle enquête peut prendre des semaines, voire des mois. C'est pourquoi

on ne l'entreprend que pour les épidémies les plus graves.

Il y aurait pourtant une meilleure méthode – et l'un des instruments nécessaires est probablement dans votre poche ou votre sac à main en ce moment même. Aujourd'hui, la plupart des gens se déplacent avec un téléphone mobile, qui conserve les données de géolocalisation dans le système d'exploitation ou dans une application accessoire. En outre, les informations recueillies par les opérateurs de téléphonie auprès des antennes relais permettent de suivre les allers et venues d'une personne. Quand des patients sont infectés par des organismes présentant un danger de santé publique, on pourrait ainsi, moyennant leur accord, étudier l'historique de leurs déplacements récents. Les épidémiologistes pourraient alors déterminer rapidement si plusieurs patients touchés par les mêmes organismes ont visité un endroit identique dans une certaine fenêtre de temps.

Comme dans les enquêtes épidémiologiques classiques, la vie privée des personnes devra être respectée. La différence

est que l'on obtiendrait les réponses bien plus vite. Avec les données d'un réseau bien conçu de détecteurs universels de pathogènes, on pourrait identifier presque en temps réel des menaces pour la santé publique telles qu'un début d'épidémie, une attaque bioterroriste ou une contamination grave d'aliments. Mieux, les experts connaîtraient immédiatement l'origine de l'infection et l'importance de sa dissémination. Les résultats pourraient être communiqués aux patients ou aux autorités de santé, et les médecins transmettraient les informations sur les traitements efficaces. Avec un tel système, les domaines du diagnostic et de l'épidémiologie quitteraient enfin le XIX^e siècle pour entrer dans le XXI^e.

Combien de détecteurs de pathogènes le réseau doit-il comporter pour constituer un système d'alerte efficace à l'échelle d'un pays ou d'une région ? L'une des façons les plus simples d'aborder la question est d'utiliser une simulation dite de Monte Carlo, où un ordinateur répète un même scénario dans de multiples conditions différentes choisies aléatoirement, afin de déterminer

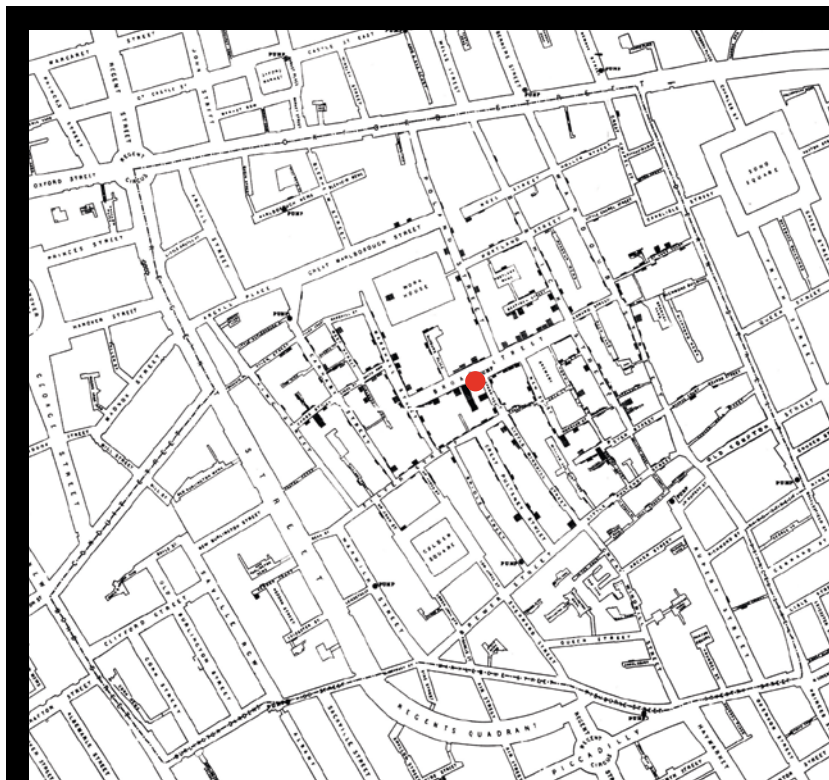
une gamme de résultats possibles. Dans un modèle de propagation des épidémies, j'ai rentré des données épidémiologiques américaines concernant les taux d'infection, les lieux où les malades se rendent pour obtenir des soins, le nombre de tests diagnostiques commandés et les durées d'incubation d'une vaste gamme d'organismes infectieux. Puis j'ai effectué les calculs des milliers de fois, afin d'évaluer la taille à partir de laquelle le réseau pourrait détecter de façon précoce un organisme menaçant la santé publique.

200 détecteurs de pathogènes suffiraient pour les États-Unis

Les résultats ont été impressionnants. Connecter au réseau 200 hôpitaux répartis à travers le pays suffirait pour couvrir toute la population des métropoles américaines. Chaque région urbaine de la taille de Washington ou de San Diego nécessiterait environ cinq hôpitaux dotés de détecteurs universels de pathogènes connectés au réseau. Il y aurait alors 95 pour cent de chance de détecter immédiatement un agent infectieux préoccupant pour la santé publique (grippe aviaire, maladie du charbon, peste, pathogène d'origine alimentaire, etc.) si seulement sept personnes atteintes se rendaient dans un service de soins d'urgence.

Le nombre étonnamment petit de machines nécessaires (les nœuds du réseau) est dû à des « effets d'entonnoir ». La plupart des malades restent à la maison pour se soigner seuls, mais les plus atteints se déplacent jusqu'à un hôpital (le premier entonnoir), où des médecins (le second entonnoir) décident s'ils doivent subir des tests. Les machines sont placées au bout de ce second entonnoir. En d'autres termes, on n'a pas besoin d'installer des détecteurs partout ; suffisamment de malades « adéquats » se dirigeront d'eux-mêmes vers les détecteurs.

J'ai effectué des simulations pour les maladies infectieuses les plus communes et les plus graves, avant de comparer les performances d'un tel réseau avec celles du système d'alerte actuel. Le « Réseau menace », comme je l'ai surnommé, s'est révélé bien plus efficace pour détecter les nouvelles épidémies. Il identifiait le front de propagation de ces dernières plusieurs



LA CARTOGRAPHIE DES CAS DE CHOLÉRA (*en noir*) en 1854 à Londres a amené le médecin John Snow jusqu'à la source de la maladie : une pompe publique, dont l'eau avait été contaminée par des matières fécales (*point rouge*). Cette méthode est toujours utilisée aujourd'hui, mais le réseau de détecteurs de pathogènes proposé par l'auteur permettrait de déterminer l'origine d'une épidémie bien plus vite.

John Snow, 1854

Une révolution qui réduira les inégalités Nord-Sud

Comme l'explique l'article de David Ecker, les techniques modernes de biologie et de communication pourraient révolutionner le diagnostic précoce des épidémies et améliorer la prise en charge des patients, grâce aux progrès réalisés au cours de la dernière décennie.

Ce qui apparaissait comme de la science-fiction il y a peu est devenu de l'ordre du raisonnable. Outre la méthode décrite dans l'article, d'autres outils sont en cours de développement. Frank Aarestrup, de l'Université technique du Danemark, coordonne ainsi le projet *Global Microbial Identifier* (Identificateur mondial de microbes), ou GMI, qui regroupe 140 chercheurs du monde entier. Ce projet vise à construire une base de données sur les pathogènes (bactéries, virus, parasites et champignons), dont le génome complet sera obtenu grâce à de nouvelles tech-

niques de séquençage. Celles-ci permettront d'harmoniser les données partielles collectées, parfois à l'aide de techniques différentes, par divers laboratoires. Le projet GMI répertoriera en outre diverses métadonnées sur les pathogènes (lieux où on les trouve, traitements existants, etc.) et proposera des algorithmes pour analyser les échantillons prélevés sur les patients.

Lancé en 2011, ce projet devrait aboutir à une base de données opérationnelle en 2020. J'ignore quel réseau de diagnostic sera finalement le plus utilisé, mais je suis presque

sûr que nous ne travaillerons plus de la même façon à très brève échéance.

Ces développements technologiques, coûteux, ne risquent-ils pas d'accroître les inégalités Nord-Sud face aux maladies infectieuses ? *A priori* non : ils pourraient même contribuer à les réduire. En effet, il est plus simple de prélever les échantillons et de les transporter vers de grands centres, où des appareils de diagnostic universels et très rapides seront disponibles, que d'appliquer localement de multiples techniques, chacune testant une maladie spécifique, comme on le fait aujourd'hui. Les techniques telles que la PCR, pratiquées avec de petits robots simples à utiliser, vont probablement être dépassées. En effet, les appareils nécessaires sont peu adaptés aux

pays les plus pauvres, où une alimentation électrique n'est pas disponible partout et où la chaîne du froid, essentielle pour les réactifs, est souvent rompue. La liaison avec les médecins restés sur place pourra être assurée grâce aux téléphones portables intelligents, dont chacun dispose, et les disparités dans la transmission des résultats seront là encore atténuées.

Cependant, ni le sida, ni les bactéries multirésistantes, ni Ebola ne disparaîtront par un coup de baguette magique moléculaire ou électronique ! La lutte contre les principales épidémies passera encore et toujours par une prise de conscience politique conduisant à l'attribution de moyens adéquats à grande échelle, ainsi que par le dévouement des soignants.

— Antoine Andremont

Hôpital Bichat-Claude Bernard, Paris

jours à plusieurs semaines avant le système en place. Or détecter une épidémie ne serait-ce que quelques jours plus tôt peut sauver des milliers de gens, en permettant aux hôpitaux de se préparer à un afflux de personnes, aux autorités sanitaires de puiser dans les réserves de médicaments, voire aux enquêteurs de déterminer l'origine de la maladie.

Selon mes calculs, l'établissement d'un réseau de 200 hôpitaux coûterait environ 40 millions de dollars (près de 30 millions d'euros), en supposant que chacun achète son propre détecteur de pathogènes, et le fonctionnement du réseau demanderait 15 millions de dollars (11 millions d'euros) par an. Pour comparaison, une étude de 2012 a estimé le coût, aux États-Unis, des soins et des absences au travail associés aux 12 causes les plus communes de maladies graves d'origine alimentaire : il s'élève à 14 milliards de dollars (10 milliards d'euros) par an.

Il n'existe encore aucun système de surveillance épidémiologique aussi élaboré que le « Réseau menace ». L'expérience suggère que la conception des appareils et des logiciels sera la partie la plus facile, mais qu'il faudra prendre en compte de nombreux

paramètres réglementaires ou légaux. Le plus grand obstacle est que, dans les pays où les systèmes de santé sont décentralisés et privés pour la plupart, personne n'a le mandat ou le pouvoir de lancer seul une telle entreprise – malgré l'intérêt collectif qu'elle présente. Le « Réseau menace » nécessitera une coopération intense entre les médecins, les infirmières, les administrateurs des hôpitaux, les experts de la santé et les défenseurs de la vie privée, coopération qui peut être difficile en l'absence d'une autorité centrale.

Une approche du diagnostic des maladies infectieuses intégrée à l'échelle d'une société entière sera plus efficace et beaucoup moins coûteuse que l'approche classique. Surveiller la santé publique en temps réel ou presque, en se fondant sur les nouvelles technologies de diagnostic et de communication, permettrait d'améliorer les soins, d'économiser des médicaments et d'émettre des alertes précoces grâce auxquelles les épidémies et les éventuelles attaques bioterroristes seraient maîtrisées plus tôt. Reste à montrer que nous avons assez de sagesse pour combiner nos efforts et bâtir un système de surveillance sanitaire plus intelligent. ■

■ BIBLIOGRAPHIE

J. J. Farrell *et al.*, « Salvage microbiology » : Detection of bacteria directly from clinical specimens following initiation of antimicrobial treatment, *PLoS One*, vol. 8(6), e66349, 2013.

R. Sampath *et al.*, Comprehensive biothreat cluster identification by PCR/electrospray-ionization mass spectrometry, *PLoS One*, vol. 7(6), e36528, 2012.

D. J. Ecker *et al.*, Ibis T5000 : A universal biosensor approach for microbiology, *Nature Reviews Microbiology*, vol. 6, pp. 553-558, 2008.

Des pyramides de PONZI dans l'économie

De nombreuses pratiques économiques ordinaires s'apparentent aux systèmes de Ponzi, montages financiers frauduleux où les premiers investisseurs sont rémunérés grâce aux fonds apportés par les suivants.

Kaushik Basu

Le système de Ponzi est une composante récurrente de la vie économique des nations, riches et pauvres, et cela au moins depuis le XIX^e siècle. Il permet à quelques-uns de devenir millionnaires tout en gâchant la vie de millions d'autres. Pourtant, la plupart des gens n'ont qu'une très vague idée de ce que sont ces montages, ce qui explique sans doute pourquoi tant de personnes continuent d'en être victimes.

Ce sujet a évidemment suscité de l'intérêt depuis la récente crise financière mondiale et les gros titres sur le scandale Bernard Madoff, la plus grosse escroquerie de Ponzi jamais organisée, découverte au plus fort de la tourmente financière. Tous ceux qui ont suivi cette affaire pensent probablement que les chaînes de Ponzi sont des duperies délibérées : au lieu d'utiliser l'argent des investisseurs pour financer une entreprise productive, l'escroc utilise celui apporté par les nouveaux investisseurs pour verser des intérêts aux investisseurs plus anciens. Mais

L'ESSENTIEL

- **Voler Pierre pour payer Paul : ce principe à la base des chaînes de Ponzi fait partie intégrante de l'activité économique depuis longtemps.**
- **Les systèmes de Ponzi se révèlent plus répandus dans les économies modernes qu'on ne le pensait.**
- **Le fonctionnement des bulles financières est similaire à celui d'un système de Ponzi. Et des pratiques économiques ordinaires camouflent parfois un tel système.**

Adam Simpson

les économistes ont commencé à se rendre compte que ce type de comportement peut aussi se produire spontanément, et même inconsciemment, simplement quand les anticipations des uns nourrissent celles des autres et créent une spéculation frénétique, une « bulle » économique qui grossit et qui finit par éclater.

Les spécialistes de l'étude des marchés financiers et les économistes comportementaux commencent à comprendre que les processus de type Ponzi peuvent être présents de façon endémique dans le flux et le reflux des marchés financiers mondiaux, comme s'il s'agissait de phénomènes naturels tels que les marées océaniques ou les éclipses de lune. Pour exister, ils n'ont pas besoin d'un agent malveillant tel que B. Madoff.

En fait, les systèmes de Ponzi peuvent revêtir de nombreuses formes différentes, ce qui les rend difficiles à détecter et isoler de telle façon que l'on puisse prendre des