

sont combattus en 1814 lors de la bataille de la Nouvelle-Orléans, qui fut un carnage. L'Amérique triompha, sous la conduite du général Andrew Jackson, qui s'empresse de se porter candidat à la présidence. Or un traité de paix avait été conclu avant le début de la bataille, mais la nouvelle arriva trop tard d'Europe. Le câble aurait sauvé des vies, et les billets de vingt dollars auraient peut-être affiché un autre portrait.

En tout cas, le câble de cuivre illustre comment la technologie fait évoluer la vie des gens. Avant le câble, Heart's Content, à Terre-Neuve, était un petit hameau de pêcheurs. Le câble installé, une nouvelle classe sociale aisée, composée des employés de la station télégraphique, a envahi le village; elle y a importé de coûteux aménagements et en a chassé les habitants, ce qui a créé des conflits. Remplacez «station télégraphique» par «sociétés de l'Internet» et «Heart's Content» par «baie de San Francisco»: la similitude avec des mutations actuelles est frappante.

Field espérait que le câble améliorerait la communication, développerait les affaires et éviterait les conflits. Les

historiens assurent qu'en plus de tout cela, le câble a contracté le temps et l'espace, libéré l'information des contraintes géographiques, stimulé la mondialisation, favorisé l'essor du journalisme et renforcé l'impérialisme. Mais son rôle ne s'arrête pas là. Le câble et le télégraphe ont amené de surprenantes modifications, en particulier dans le langage. En 1866, envoyer un message de dix mots coûtait environ 100 dollars, soit environ 1 300 dollars actuels. Ce coût a forcé la presse à rédiger les nouvelles dans un style concis et neutre. Ernest Hemingway attribuait son style, épuré et incisif, au fait que, durant sa jeunesse, en 1917, il avait travaillé dans une rédaction.

Le câble télégraphique a amorcé une évolution du langage qui se poursuit encore avec la contrainte des 140 caractères des messages sur Twitter, les émoticônes et le foisonnement d'abréviations qui accompagnent le développement des réseaux sociaux. Quelle sera la prochaine étape? On l'ignore. Mais une chose est sûre: l'humanité crée la technologie qui, à son tour, recrée l'humanité. ■

■ SUR LE WEB

Le site de l'Association des amis des câbles sous-marins rassemble de nombreux documents historiques sur l'histoire des câbles sous-marins : www.cablesm.fr/
Il s'agit d'une des 49 associations de la fédération culturelle de la Poste et de France Telecom (fnarh.com), dont le prochain colloque aura lieu du 17 au 19 mai 2017 à Métabief, dans le Haut-Doubs.

Une mine d'informations (en anglais) sur l'histoire du câble transatlantique : <http://atlantic-cable.com>



LES {Partagez les savoirs} RENDEZ-VOUS DU MUSÉUM

Entrée gratuite

Au Jardin des Plantes

Détails sur mnhn.fr, rubrique : "les rendez-vous du Muséum"

POUR LA SCIENCE

UNE EXPO, DES DÉBATS

Lundi 6 mars – 18h :
Ours : leur conservation en questions
Avec O. Guder, administrateur de l'association Féru, animateur région Île-de-France, P. Haffner, chef du pôle espèces, SPN, MNHN, M. Jung, présidente de l'association Animals Asia, R. Marion, photographe naturaliste.

CYCLE DE CONFÉRENCES

Quand tourisme responsable rime avec biodiversité
Lundi 13 mars – 18h : Le Conservatoire du littoral : plus de 40 ans d'actions au service des territoires
Avec O. Gauthier, directrice du Conservatoire du littoral et des rivages lacustres.
Lundi 20 mars – 18h : Les parcs nationaux de France : entre préservation du patrimoine et accueil du public
Avec G. Landrieu, adjoint au directeur de Parcs nationaux de France et L. Chabanis, chargée de mission "Tourisme et accès à la nature" à Parcs nationaux de France.
Lundi 27 mars – 18h : La Baie de Somme - Grand Site de France : la Nature en Capital !
Avec S. Desanlis, directeur de l'Environnement du Syndicat Mixte Baie de Somme - Grand Littoral Picard.

TABLE-RONDE

Soirée Prédateurs
Samedi 25 mars – 17h :
Ours, lynx, loup..., quelle cohabitation possible avec l'homme ?
Suivie de visites guidées thématiques.
Avec P. Haffner, D. Jullien-Laferrère, Y. Le Maho, P. Paillet, M. Patou-Mathis, G. Véron

FILM

Cycle Pousse-Pousse
Dimanche 26 mars – 16h : L'enfant qui voulait être un ours (78', dès 5 ans)
Par J. Astrup, France/Danemark, 2002.

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

LOGIQUE & CALCUL

Le vivant, plus fort que l'électronique

Des systèmes biologiques sont capables d'enregistrer de l'information et de la manipuler, comme le font les ordinateurs. Fondées sur ce constat, de nouvelles technologies informatiques pourraient concurrencer celles d'aujourd'hui.

Jean-Paul DELAHAYE

L'ADN est comme un programme d'ordinateur, mais bien plus avancé que n'importe quel logiciel jamais créé.

Bill Gates

L'idée réductionniste que tout n'est que du calcul dans l'Univers procède de l'idée (passée de mode) que l'Univers n'est qu'une grande horloge. On aurait seulement changé le modèle de référence, qui, de mécanique, serait devenue informatique.

En passant d'un objet matériel et rigide, l'horloge, à un objet idéal plus abstrait et polyvalent, l'ordinateur, nous avons trouvé un moyen de nous représenter le monde d'une manière plus générale et efficace. La métaphore informatique de l'Univers n'est peut-être pas la dernière, mais l'ordinateur est incontestablement bien plus commode que l'horloge pour modéliser la variété et la complexité des objets et des situations du monde. De plus, s'appuyer sur les ordinateurs pour penser l'Univers, c'est considérer que les concepts physiques classiques doivent être complétés : à côté du temps, de la longueur et de la masse, il faut, pour comprendre ce qui se passe, utiliser les concepts d'information et de calcul.

Or on trouve dans les mécanismes biologiques des composants qui, bien utilisés, réalisent des calculs à la demande quand on a maîtrisé leur programmation. L'idée que la biologie, aussi éloignée qu'elle paraisse de l'informatique, est aussi une science du

calcul et de l'information devient année après année plus concrète.

La coopération entre informatique et biologie se développe selon deux axes complémentaires. D'une part, en s'inspirant du monde biologique, on a conçu de nouvelles façons de programmer nos ordinateurs. Avec ces méthodes informatiques inattendues, on résout parfois mieux qu'auparavant des problèmes d'ingénierie.

Imiter le vivant et le faire calculer

Ainsi, les techniques de réseaux de neurones artificiels ont été mises en œuvre pour faire gagner au jeu de go, contre un champion humain, un système informatique (voir Yoshua Bengio, « La révolution de l'apprentissage profond », *Pour la Science* n° 465, juillet 2016).

Il y a aussi les algorithmes génétiques, où l'on mime des mécanismes évolutifs qui sélectionnent des objets informatiques, les systèmes immunitaires artificiels, où l'on copie les principes adaptatifs de l'immunité des vertébrés, les systèmes d'intelligence distribuée, où l'on s'inspire des insectes sociaux qui, collectivement, réalisent d'étonnantes constructions telles que ruches ou termitières, les méthodes de calcul par les membranes, où l'on copie les échanges cellulaires pour imaginer des systèmes algorithmiques nouveaux.

L'autre axe pour relier biologie et informatique, qui sera le sujet de la suite de

l'article, consiste à identifier et à développer des méthodes autorisant une programmation du vivant et l'exploitation de ses capacités à mémoriser de l'information, cela en utilisant uniquement les molécules et les structures biologiques (sans électronique). Deux domaines aujourd'hui ont réussi cet exploit : le calcul et le stockage d'informations fondés sur l'ADN (*DNA computing* et *DNA data storage*) et le calcul avec des cellules (*Synthetic biological circuit* et *Bacterial computing*).

L'informaticien américain Leonard Adleman est bien connu pour sa découverte, avec Adi Shamir et Ronald Rivest, de l'algorithme de chiffrement asymétrique RSA : c'est lui le « A ». Il a été inspiré par la machine de Turing, un mécanisme de calcul imaginé en 1936 dont la mémoire est constituée par un ruban potentiellement infini qu'un automate parcourt, lit et sur lequel il écrit. Or l'ADN polymérase est une molécule qui s'accroche à un brin d'ADN, puis se déplace dessus en « lisant » chaque base rencontrée et en « écrivant » son complément, ce qui fabrique un nouveau brin d'ADN. Leonard Adleman y reconnut un mécanisme proche de celui des machines de Turing, qui peuvent calculer toute fonction mathématique calculable par algorithme. L'analogie l'incita à utiliser des brins d'ADN et les mécanismes moléculaires qui les manipulent pour calculer.

Leonard Adleman comprit cela au cours d'une « nuit de Pascal ». Il raconte : « Je me dressais soudain et fis remarquer à mon

Le chemin hamiltonien codé par des séquences d'ADN

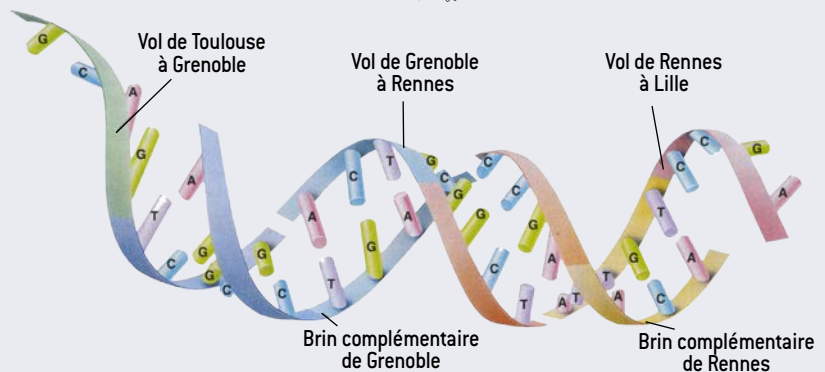
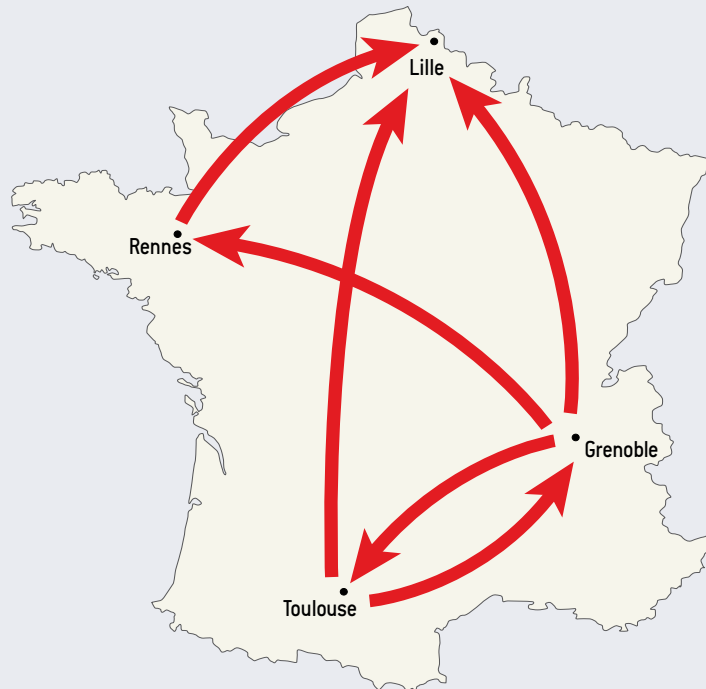
La méthode conçue par l'informaticien américain Leonard Adleman pour résoudre le problème des chemins hamiltoniens est expliquée à partir d'un exemple (emprunté à son article « Calculer avec l'ADN », *Pour la Science*, n° 252, pp. 56-63, octobre 1998).

Imaginons que les vols reliant quatre villes soient ceux dessinés sur le schéma ci-contre. On peut par exemple aller de Grenoble à Lille, mais pas l'inverse. On cherche un chemin partant de Toulouse et arrivant à Lille, qui passe par chacune des quatre villes une fois et une seule.

On choisit pour chaque ville une séquence d'ADN. Pour Toulouse, par exemple, c'est la séquence ACTTGACG. On nomme « début » les quatre premiers nucléotides, ACTT, et « fin » les quatre derniers, GACG. On peut alors coder chaque vol en mettant bout à bout la fin de la séquence associée à la ville de départ et le début de la séquence associée à la ville d'arrivée (voir le tableau) et chaque chemin combinant plusieurs vols sera représenté par l'enchaînement des séquences d'ADN correspondantes.

À chaque ville correspond aussi une séquence complémentaire, obtenue en échangeant C et G, et A et T. L'utilisation de ces séquences complémentaires permet de filtrer, dans une soupe contenant au départ les molécules codant tous les chemins possibles jusqu'à la longueur 3 au moins (correspondant au trajet reliant les quatre villes), les molécules qui correspondent aux chemins passant par toutes les villes.

Dans notre problème, il y a un chemin hamiltonien entre Toulouse et Lille, qui sera le seul retenu ayant la longueur voulue et passant par chaque ville. Il passe dans l'ordre par Toulouse, Grenoble, Rennes et Lille. Il est représenté par la séquence GCAGTCGGACTGGGCTA-TGTCCGA, obtenue à l'issue des manipulations de la soupe initiale opérant les filtrages.



Ville	ADN	Complémentaire
TOULOUSE	ACTTGACG	TGAACGTC
GRENOBLE	TCGGACTG	AGCCTGAC
RENNES	GGCTATGT	CCGATACA
LILLE	CCGAGCAA	GGCTCATT
Vol	Code ADN du vol	
TOULOUSE-GRENOBLE	GCA ^G TC ^G GG	
TOULOUSE-LILLE	GCA ^G CC ^G GA	
GRENOBLE-RENNES	ACT ^G GG ^G CT	
GRENOBLE-LILLE	ACT ^G CC ^G GA	
GRENOBLE-TOULOUSE	ACT ^G ACT ^T	
RENNES-LILLE	AT ^G TCC ^G A	