



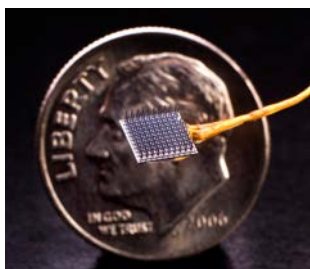
P.66

CLIMATOLOGIE

LA PÊCHE À LA CRÊPE DE GLACE

Fleurianne Bertrand
et Tim Ricken

Dans l'océan Antarctique, des chercheurs sont partis «pêcher» des crêpes de glace. Leur objectif: mesurer leurs propriétés pour les intégrer de façon plus réaliste dans les modèles climatiques.



P.72

NEUROSCIENCES

QUAND LES MACHINES DÉCODENT NOS INTENTIONS

Richard Andersen

Piloter une prothèse à la seule force de la pensée: c'est ce que permet un implant fiché dans la zone du cerveau qui crée nos intentions.

À LA UNE

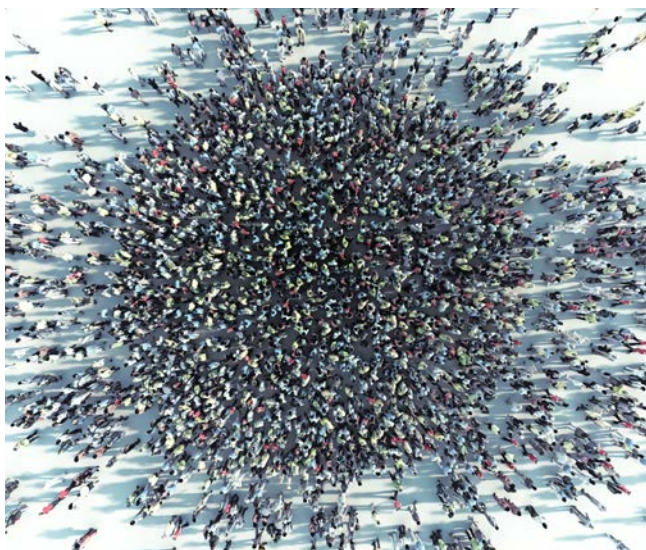
P.26

PSYCHOLOGIE

« MOINS LA FOULE EST DENSE, PLUS ELLE EST IMPRÉVISIBLE »

Entretien avec Mehdi Moussaïd

Comment organiser les zones urbaines pour que le trafic y soit fluide? Comment éviter les bousculades meurtrières lors de rassemblements? Comment lutter contre la propagation des fausses informations? Toutes ces questions sont au cœur d'une jeune discipline, l'étude des foules, qui commence déjà à fournir des réponses.



P.32

MATHÉMATIQUES

LA FOULE EN ÉQUATIONS

Bertrand Maury et Sylvain Faure

Imaginez que chaque individu d'une foule soit un pion sur un échiquier, ou encore que la foule soit une goutte qui dévale une montagne le plus vite possible. En s'appuyant sur de telles analogies, des physiciens et mathématiciens ont conçu des modèles de foules performants pour décrire l'évacuation d'un bâtiment ou le transit de passagers dans une gare.

RENDEZ-VOUS

P.80

LOGIQUE & CALCUL

DES TROUS À ENTOURER AVEC PARCIMONIE

Jean-Paul Delahaye

Laisser des trous dans un assemblage de carrés en minimisant le nombre de pièces utilisées: ce problème de géométrie n'est pas facile. Mais le cheminement vers sa solution illustre bien la démarche des mathématiciens.



P.86

ART & SCIENCE

Des bulles et des cellules

Loïc Mangin

P.88

IDÉES DE PHYSIQUE

Le mystère des pierres qui bougent

Jean-Michel Courty
et Édouard Kierlik

P.92

CHRONIQUES DE L'ÉVOLUTION

Les dytiques mâles ne manquent pas d'air

Hervé Le Guyader

P.96

SCIENCE & GASTRONOMIE

Les neuf goûts du canard laqué

Hervé This

P.98

À PICORER

A

CTUALITÉS

P. 6 Échos des labos

P. 18 Livres du mois

P. 20 Agenda

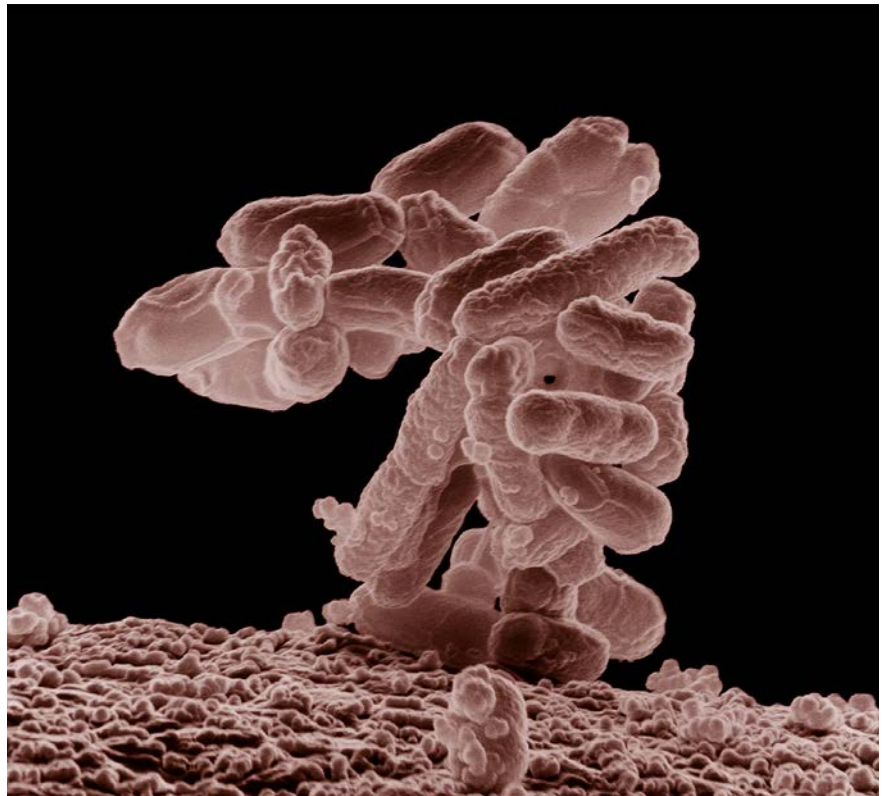
P. 22 *Homo sapiens informaticus*

P. 24 Questions de confiance

BIOLOGIE DE SYNTHÈSE

LE GÉNOME D'ESCHERICHIA COLI COMPLÈTEMENT RECODÉ

La bactérie *Escherichia coli* (ci-contre, un amas de ces microorganismes vu au microscope électronique) est très commune dans la flore intestinale de l'humain. L'étude de son ADN permet de mieux comprendre les mécanismes génétiques.



Pour supprimer des redondances dans le code génétique de la bactérie *Escherichia coli*, des chercheurs l'ont entièrement recodé. Et la souche produite est viable.

La biologie de synthèse est un domaine de recherche en plein essor. Afin de mieux comprendre les mécanismes génétiques et les lois du vivant, les scientifiques modifient de diverses façons l'ADN. En 2016, l'équipe de l'entrepreneur californien Craig Venter, spécialisé dans les biotechnologies, a synthétisé une cellule artificielle capable de se répliquer avec un nombre minimal de gènes: elle n'en comptait que 473, à comparer par exemple aux quelque 20 000 du génome humain. Par des approches similaires de suppression de gènes, d'autres

chercheurs ont réussi à réduire le génome de la bactérie *Escherichia coli* de près de 15%. Jason Chin, de l'université de Cambridge, et ses collègues ont adopté une autre approche. Ils ont cherché non pas à réduire la taille du génome d'*E. coli*, mais à remplacer certaines redondances du code génétique.

Cette tâche ambitieuse a été rendue possible grâce au développement récent de techniques de synthèse et d'assemblage de l'ADN. Cette molécule, avec sa structure en double hélice, est constituée d'une succession de bases azotées de quatre types: adénine (A), thymine (T), guanine (G) et

cytosine (C). Certaines de ces séquences, contenant parfois plusieurs milliers de bases, définissent des gènes dont la transcription permet la synthèse de protéines. Ces dernières sont composées d'une suite d'acides aminés, chacun étant codé par un triplet de bases dans l'ADN, un «codon». Par exemple, le triplet TCG code la sérine. Il existe des centaines d'acides aminés, mais les organismes vivants n'en utilisent que 20. Dès lors, 20 codons devraient suffire, mais le génome utilise tous les $4^3=64$ codons possibles: 61 d'entre eux codent des acides aminés et 3 servent de codons stop qui indiquent quand se termine un gène. Il y a donc redondance, plusieurs codons étant associés au même acide aminé (par exemple, la sérine est associée à 6 codons différents). On parle alors de «code dégénéré».

Un trésor bourguignon de la fin du xv^e siècle

Au sein du Dijon médiéval, la mise au jour d'un trésor monétaire témoigne des nombreux échanges de la puissante Bourgogne de la fin du xv^e siècle. L'archéologue Stéphane Alix, coauteur de la découverte, nous en dit plus.



Propos recueillis par FRANÇOIS SAVATIER

STÉPHANE ALIX,
archéologue
à l'Institut national de
recherche archéologique
préventive (Inrap)

Comment avez-vous découvert ce trésor monétaire ?

Nous étions en train d'effectuer le diagnostic archéologique préalable à des travaux, imposé par la loi, dans le secteur de Saint-Bégnigne au sein du Dijon médiéval. Dans les couches de la fin du Moyen Âge, nous avons trouvé les restes d'une petite boîte en bronze détériorée par les constructions modernes. Elle contenait des monnaies d'or et d'argent.

Combien exactement ?

Trente-quatre, mais la plupart de ces monnaies étaient collées les unes aux autres par la corrosion. Nous avons donc dû envoyer le tout au Centre de restauration et d'études archéologiques municipal de Vienne (dans le Rhône) pour que des restaurateurs les séparent et les nettoient afin de les rendre lisibles.

Et, dès lors, qu'a-t-on identifié ?

Le trésor contenait des monnaies des Sforza, la famille régnante de Milan, des monnaies de Ferrare, du Pape, des monnaies anglaises, de certaines

principautés du Saint-Empire germanique et d'autres, très rares, d'un évêché suisse... Ces pièces livrent un témoignage rare d'un point de vue numismatique sur la circulation des monnaies de valeur entre la Bourgogne de la fin du xv^e siècle et toute une série d'États européens. La remarquable qualité des pièces démontre la volonté de prestige des personnalités qui les dirigeaient, et leur diversité illustre les échanges internationaux entre les puissances de l'époque et l'influent duché de Bourgogne, qui, rappelons-le, s'étendait à l'époque de la région de Genève aux Pays-Bas.

Peut-on présumer que ces monnaies appartenaient à un marchand ?

Elles ont en tout cas été rassemblées par quelqu'un – petit aristocrate ou marchand – connecté à la sphère marchande « internationale ». Pour autant, il s'agit du pécule relativement modeste d'une personne privée, qui y a adjoint un bijou de famille – un médaillon de mariage constitué de deux lettres d'or émaillées verte et blanche (voir la photo ci-dessous) –, avant de le cacher dans le sol. Celui d'une maison probablement.

Ce trésor est-il d'une grande valeur ?

J'ignore tout de sa valeur pécuniaire, mais sa valeur numismatique est indéniablement très grande. Par ailleurs, si ma collègue Céline Capdeville et moi, qui sommes archéologues, avons apprécié de tomber sur des objets aussi beaux qu'intéressants, nous avons aussi été captivés par les niveaux inférieurs à celui qui contenait le trésor.

Pourquoi ?

Parce qu'on a mis au jour de très intéressants niveaux médiévaux plus anciens, dont l'étude sera utile pour reconstituer l'histoire de Dijon, et, au-dessous de ces couches, un cimetière gallo-romain de la fin de l'Antiquité que les historiens et archéologues soupçonnaient depuis longtemps, sans jamais avoir pu prouver son existence. C'est chose faite désormais. ■



En 2013, afin d'étudier ces redondances, une équipe a supprimé un codon stop du génome d'*E. coli*. et l'a remplacé systématiquement par un codon équivalent. Mais cela n'avait un impact que sur un nombre limité (321) de codons dans l'ADN de la bactérie. Jason Chin et son équipe ont procédé à des modifications plus importantes. Ils ont remplacé deux codons de la sérine et un codon stop par des synonymes. Cela a impliqué de modifier pas moins de 18214 triplets de bases.

Le nouvel ADN a été conçu sur ordinateur et synthétisé par des processus chimiques bien maîtrisés. La difficulté rencontrée par les chercheurs venait de la taille du génome de la bactérie, qui comprend 4 millions de paires de bases. Comme il ne peut être synthétisé en une fois, les chercheurs ont dû produire des fragments de 100 000 bases, qui étaient injectés au fur et à mesure dans le génome d'*E. coli*. Ils ont finalement obtenu une lignée de bactéries au génome complètement recodé. Nommée *Syn61*, cette lignée est viable, mais ses membres se reproduisent plus lentement que leurs consœurs. En outre, les images au microscope indiquent que les bactéries *Syn61* sont légèrement plus longues.

La biologie de synthèse étant une discipline qui progresse vite, le record établi par l'équipe de Jason Chin ne tiendra pas très longtemps. Un consortium international achèvera bientôt la synthèse du génome complet de la levure *Saccharomyces cerevisiae*, soit 12 millions de paires de bases. Et la constitution d'un génome d'*E. coli* utilisant seulement 57 codons est aussi en cours.

Par ailleurs, le fait de réduire les redondances sur les codons présente un intérêt majeur. Il est alors possible de réaffecter un codon non utilisé et, par des opérations de génie génétique, lui faire correspondre un acide aminé que ne produisent pas les organismes vivants. Ce qui pourrait donner des protéines de synthèse aux fonctions nouvelles.

À terme, l'un des objectifs est de fabriquer des organismes spécialement conçus, par exemple, pour produire certains composés : des sortes de micro-usines sur mesure, à l'image des souches génétiquement modifiées d'*E. coli* qui produisent l'insuline humaine à destination des diabétiques. ■

SEAN BAILLY

J. Fredens et al., *Nature*, en ligne le 15 mai 2019