



P.74

HISTOIRE DES SCIENCES

QUAND L'INFORMATIQUE ÉTAIT ANALOGIQUE

Cyrille Foasso

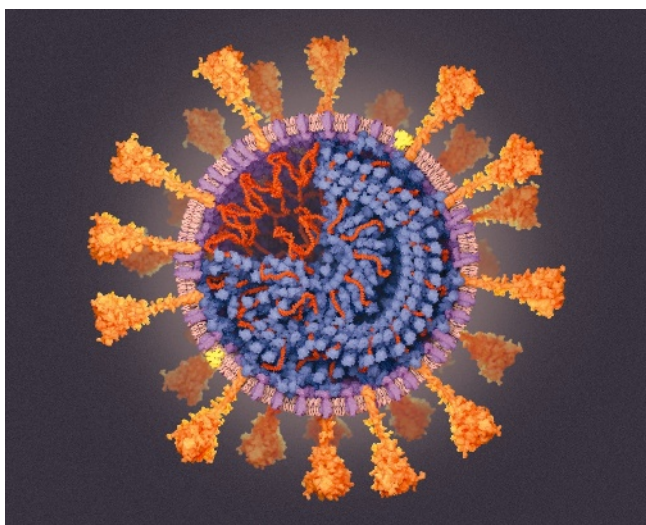
Ou comment l'EAI 8800, une machine de 3 tonnes vieille de plus de cinquante ans accueillie il y a quelques années au musée des Arts et Métiers, à Paris, témoigne que les prédécesseurs des ordinateurs n'ont pas dit leur dernier mot.

MÉDECINE

P.22

LA RÉVOLUTION DES VACCINS À ARN

Elie Dolgin



Pour la première fois autorisés chez l'humain dans la lutte contre le Covid-19, les vaccins à ARN offrent des perspectives beaucoup plus larges contre des maladies telles que la grippe, mais aussi le sida, le paludisme ou les cancers.

P.30

« LES VACCINS À ARN OUVRONT UNE VOIE THÉRAPEUTIQUE PUISSANTE »

Entretien avec Bruno Pitard

Avec l'épidémie de Covid-19, les vaccins à ARN sont entrés dans une nouvelle phase de leur histoire. Bruno Pitard, qui a participé à l'aventure, revient sur ce champ de recherche en pleine ébullition.

RENDEZ-VOUS

P.82

LOGIQUE & CALCUL

DE L'HYPERCUBE À LA SENSITIVITÉ

Jean-Paul Delahaye

La « conjecture de la sensibilité », qui portait sur la complexité des fonctions booléennes, importantes en informatique, résistait depuis plusieurs décennies. Un jeune mathématicien d'origine chinoise, Hao Huang, l'a prouvée en deux pages, en exploitant un détour par les hypercubes.

P.88

IDÉES DE PHYSIQUE

La tenségrité et la table impossible

Jean-Michel Courty
et Édouard Kierlik



P.92

CHRONIQUES DE L'ÉVOLUTION

Des crocos au sang chaud

Hervé Le Guyader



P.96

SCIENCE & GASTRONOMIE

Sel, sucre et pâtes levées

Hervé This

P.98

À PICORER

A

CTUALITÉS

P.6 Échos des labos

P.16 Livres du mois

P.18 *Homo sapiens informaticus*

P.20 Questions de confiance

ÉTHOLOGIE

RATS-TAUPES NUS: UN DIALECTE POUR CHAQUE COLONIE



Le rat-taupe nu est un petit rongeur remarquable par son organisation sociale, sa longévité (jusqu'à une trentaine d'années), son insensibilité à certains types de douleurs et la rareté de ses cancers.

Grâce à des signaux sonores spécifiques, les rongeurs indiquent leur appartenance à la colonie. La reine jouerait un rôle central dans le maintien de ce « dialecte ».

De grandes dents, de petits yeux quasi aveugles, une peau glabre... Malgré ce physique pas très engageant, le rat-taupe nu (*Heterocephalus glaber*) est un mammifère fascinant. Ce petit rongeur vit dans l'est de l'Afrique au sein de colonies souterraines qui comptent jusqu'à 300 membres. La structure sociale est matriarcale: une reine, unique, se reproduit avec un nombre limité de mâles. Les autres membres du groupe œuvrent pour la communauté, creusent de nouveaux tunnels et ramènent de la

nourriture. De telles structures dites «eusociales» se retrouvent chez certains insectes (fourmis, abeilles, etc.), mais sont extrêmement rares chez les mammifères. Comment s'opère la cohésion d'une telle colonie? On ne le sait pas bien, mais la communication sonore semble jouer un rôle majeur. En étudiant les sons émis par le rat-taupe nu, Alison Barker, du centre de médecine moléculaire Max-Delbrück, à Berlin, et ses collègues ont constaté que chaque colonie de ces rongeurs présente un «dialecte» spécifique, qui permet aux animaux de s'identifier en tant que membres du groupe.

Le rat-taupe nu présente un répertoire vocal qui contient au moins 17 signaux distincts et essentiels pour communiquer au sein de la colonie. Le plus fréquent est celui qu'émettent deux rongeurs quand ils se rencontrent. Pour en savoir plus sur ce signal, Alison Barker et ses collègues ont enregistré sur une période de deux ans près de 36 000 exemples de cris, nommés *soft chirps* en anglais, émis par 166 animaux issus de sept colonies différentes hébergées dans deux laboratoires à Pretoria, en Afrique du Sud, et à Berlin. Ils ont développé un logiciel qui a isolé les caractéristiques du signal (hauteur, durée, fréquence la plus élevée, etc.). Un programme d'apprentissage automatique était alors capable d'identifier l'individu sur la base du cri qu'il émettait.

Lors d'expériences, les chercheurs ont constaté qu'un rat-taupe nu répondait beaucoup plus souvent à un *soft chirp* émis par un individu de sa colonie plutôt que venant d'un autre groupe. Le rongeur reconnaît-il la voix de l'individu ou des sonorités caractéristiques de sa colonie? Pour le savoir, les chercheurs ont identifié parmi les signaux enregistrés des éléments spécifiques de chaque colonie. Ils ont ensuite créé un cri artificiel reproduisant ces éléments sans imiter le *chirp* d'un individu en particulier. Résultat: les rats-taupes nus de la colonie correspondante y répondaient davantage. Cette reconnaissance du groupe serait un outil essentiel pour ces animaux qui ne tolèrent pas la présence d'étrangers dans leur colonie.

L'équipe de recherche a aussi voulu savoir si le dialecte chez le rat-taupe nu était acquis et ainsi transmis de génération en génération. Ils ont placé des bébés orphelins dans d'autres colonies que celle où ils sont nés. Au bout de six mois, ces petits ont adopté le patois local.

Alison Barker et ses collègues ont aussi fait une découverte étonnante sur le rôle de la reine dans le maintien du dialecte de son groupe. En laboratoire, dans une colonie particulière, deux reines sont mortes successivement de façon rapprochée. Les chercheurs ont alors constaté que, pendant la période d'«anarchie» faisant suite au décès royal, les individus ne respectaient plus aussi bien l'idiome local: la variabilité individuelle de certaines de ses caractéristiques a augmenté. D'ailleurs, le logiciel de reconnaissance des cris n'était plus aussi efficace dans ces périodes d'instabilité, où l'on assiste à des départs de la colonie et à des combats entre individus pour accéder au statut de reproducteur.

La cohésion de la colonie est restaurée avec l'établissement d'une nouvelle reine, et le dialecte se stabilise aussi. Par quel mécanisme? Les émissions sonores de la reine servent-elles à recalibrer en permanence le patois de sa colonie? Et lorsqu'une nouvelle colonie se crée, comment un «nouveau parler» se met-il en place? Les travaux d'Alison Barker et de son équipe ont ouvert un vaste champ de questions à explorer. ■

SEAN BAILLY

A. J. Barker *et al.*, *Science*, vol. 371, pp. 503-506, 2021

De l'ADN très ancien de mammoth séquencé

En datant et en séquençant de l'ADN de mammoth vieux de plus de 1 million d'années, l'équipe de Love Dalén, du Centre de paléogénétique de l'université de Stockholm et du Muséum de cette ville, a révélé une ancienne lignée de ces animaux. Le paléogénéticien Régis Debruyne explique ce que ces travaux nous apprennent.



Propos recueillis par FRANÇOIS SAVATIER

RÉGIS DEBRUYNE
paléontologue
au Muséum national
d'histoire naturelle,
à Paris

Le séquençage d'ADN passe la barre du million d'années : comment est-ce possible ?

Parce que les trois génomes partiellement lus se trouvaient dans des dents provenant du sol gelé sibérien. La dégradation de l'ADN y est assez lente ; il n'est donc pas très étonnant qu'un séquençage reste possible, même après plus de 1 million d'années. La vraie limite est ailleurs : comme il n'existe sur Terre aucun pergélisol âgé de plus de 2,5 millions d'années, nous pourrions difficilement séquençer de l'ADN plus ancien. En fait, ce qui est vraiment novateur dans le travail de l'équipe de Love Dalén, ce sont les datations des trois dents de mammoths.

Comment ont-elles été réalisées ?

Le dégel perturbe la structure du pergélisol, ce qui empêche la datation stratigraphique. Par chance, ces dents étaient associées à des faunes datables. Cela a permis d'estimer que le spécimen nommé Chukochya est vieux de 0,5 à 0,8 million d'années, tandis que l'âge des spécimens Adycha et Krestovka est compris entre 1 et 1,2 million d'années.

En quoi ces dates sont-elles intéressantes ?

Au Pléistocène supérieur, donc il y a moins de 126 000 ans, il n'existait plus que deux espèces de mammoths : les mammoths laineux et, en Amérique seulement, les mammoths de Colomb. Or – et c'est la première trouvaille de l'équipe de Love Dalén –, si Chukochya et Adycha sont des prédécesseurs des mammoths laineux, Krestovka est d'une autre lignée. Cela illustre qu'une plus grande diversité existait chez les mammoths il y a 800 000 ans que ce n'était le cas il y a quelques milliers d'années, lorsque les derniers

mammoths laineux ont disparu dans le nord de la Sibérie.

Comment les chercheurs ont-ils décelé cette nouvelle lignée ?

Dans les échantillons tirés des dents, l'équipe de Love Dalén a obtenu seulement de l'ordre de 1 % du génome de Krestovka, le plus ancien, et un peu plus de celui d'Adycha et de Chukochya. Après analyse bio-informatique, le peu d'identité génétique représentée par les millions de paires de nucléotides correspondants a suffi pour conclure que le génome de Krestovka est très distinct de la trentaine de génomes nucléaires partiels de mammoth connus.

Quelle est la seconde trouvaille de l'équipe de Love Dalén ?

C'est le fait que la moitié des variants génétiques de Krestovka ressemblent à ceux du mammoth laineux et l'autre moitié à ceux du mammoth de Colomb, ce qui indique un métissage. L'équipe de Love Dalén en conclut que nous aurions un cas de spéciation hybride, c'est-à-dire d'obtention d'une nouvelle espèce par mélange de deux... Cette conclusion me paraît prématurée, car bien des trajectoires évolutives peuvent conduire à un même mélange.

Menez-vous au Muséum des recherches comparables ?

Nous avons aussi des fossiles de mammoth contenant de l'ADN. Toutefois, plutôt que de travailler à obtenir des génomes entiers comme l'équipe de Love Dalén – qui va sûrement continuer à séquençer de l'ADN de Krestovka –, nous avons déterminé des séquences du génome traduisant les adaptations qui, à partir d'éléphants, ont produit les mammoths et nous les avons rassemblées pour une centaine de spécimens. Leur comparaison, dont nous préparons la publication, fournira un aperçu d'ensemble de l'évolution des mammoths. ■

C. M. Duarte *et al.*, *Science*, vol. 371, article eaba4658, 2021