POUR LA SCIENCE

Édition française de Scientific American

POUR LA SCIENCE

L 13256 - 523 - F: 6,90 € - RD

MAI 2021
N° 523

PHYSIQUE
ASYMÉTRIE CHEZ LES ANTIQUARKS DU PROTON

VIROLOGIE
LES ORIGINES DU SIDA DÉCRYPTÉES

TECHNOLOGIE
QUAND LE VIVANT INSPIRE LA PHOTONIQUE

DÉSINFORMATION
Les armes de l'intelligence artificielle

DOM : 7,90 € – BEL./LUX. : 7,90 € – CH : 12,70 CHF – CAN. : 12,50 $CA – TOM : 1040 XPF

ON A MENÉ L'

, TOUS LES PAPIERS SE RECYCLENT.

JOURNAUX, MAGAZINES, PAPIERS MÊME AVEC
AGRAFES, ENVELOPPES MÊME SANS FENÊTRE,
CAHIERS MÊME AVEC SPIRALES...
TOUS LES PAPIERS SE RECYCLENT.
EN LES DÉPOSANT DANS LE BAC DE TRI,
VOUS LEUR OFFREZ UNE NOUVELLE VIE.

PLUS D'INFORMATIONS SUR LE RECYCLAGE
SUR TRIERCESTDONNER.FR

CITEO

Donnons ensemble une nouvelle vie à nos produits

POUR LA SCIENCE

www.pourlascience.fr
170 bis boulevard du Montparnasse – 75014 Paris
Tél. 01 55 42 84 00

Groupe POUR LA SCIENCE
Directrice des rédactions: Cécile Lestienne

POUR LA SCIENCE
Rédacteur en chef: Maurice Mashaal
Rédactrice en chef adjointe: Marie-Neige Cordonnier
Rédacteurs: François Savatier, Sean Bailly
Stagiaire: Théo Torcq

HORS-SÉRIE POUR LA SCIENCE
Rédacteur en chef adjoint: Loïc Mangin

Développement numérique: Philippe Ribeau-Gésippe
Community manager: Aëla Keryhuel

Conception graphique: William Londiche
Directrice artistique: Céline Lapert
Maquette: Pauline Bilbault, Raphaël Queruel, Ingrid Leroy, Charlotte Calament
Réviseuse: Anne-Rozenn Jouble
Marketing & diffusion: Charline Buché
Chef de produit: Eléna Delanne
Direction du personnel: Olivia Le Prévost
Secrétaire général: Nicolas Bréon
Fabrication: Marianne Sigogne et Zoé Farré-Vilalta
Directeur de la publication et gérant: Frédéric Mériot
Anciens directeurs de la rédaction: Françoise Pétry et Philippe Boulanger
Conseiller scientifique: Hervé This
Ont également participé à ce numéro:
Romain Amiot, François Arleo, Alexandre Beelen, Renaud Boistel, Mathieu Brochet, Antoine Carlier, Philippe Claudin, Florence Colleoni, Frédéric Delsuc, Christophe Dumas, Sonia El Hedri, Virginie Hamel, Cédric Hubas, Capucine Jahan, Anne-Marie Moulin, Frédéric Parrenin, Laurence Plévert, Johan Richard, Gilles Sahut, Jérôme Sueur, Richard Taillet, Caroline Vanhoove

PRESSE ET COMMUNICATION
Susan Mackie
susan.mackie@pourlascience.fr • Tél. 01 55 42 85 05

PUBLICITÉ France
stephanie.jullien@pourlascience.fr

ABONNEMENTS
www.boutique.groupepourlascience.fr
Courriel: serviceclients@groupepourlascience.fr
Tél.: 01 86 70 01 76
Adresse postale:
Service abonnement
Groupe Pour la Science
56 rue du Rocher
75008 Paris

Tarifs d'abonnement 1 an (12 numéros)
France métropolitaine: 59 euros – Europe: 71 euros
Reste du monde: 85,25 euros

DIFFUSION
Contact kiosques: À Juste Titres ; Alicia Abadie
Tél. 04 88 15 12 47
Information/modification de service/réassort:
www.direct-editeurs.fr

SCIENTIFIC AMERICAN
Editor in chief: Laura Helmut
President: Stephen Pincock
Executive vice president: Michael Florek

Toutes demandes d'autorisation de reproduire, pour le public français ou francophone, les textes, les photos, les dessins ou les documents contenus dans la revue « Pour la Science », dans la revue « Scientific American », dans les livres édités par « Pour la Science » doivent être adressées par écrit à « Pour la Science S.A.R.L. », 162 rue du Faubourg Saint-Denis, 75010 Paris.
© Pour la Science S.A.R.L. Tous droits de reproduction, de traduction, d'adaptation et de représentation réservés pour tous les pays. La marque et le nom commercial « Scientific American » sont la propriété de Scientific American, Inc. Licence accordée à « Pour la Science S.A.R.L. ».
En application de la loi du 11 mars 1957, il est interdit de reproduire intégralement ou partiellement la présente revue sans autorisation de l'éditeur ou du Centre français de l'exploitation du droit de copie (20 rue des Grands-Augustins, 75006 Paris).

PEFC
Certifié PEFC
Ce produit est issu de forêts gérées durablement et de sources contrôlées.
10-31-1282
pefc-france.org

Origine du papier: Autriche
Taux de fibres recyclées: 30 %
«Eutrophisation» ou «Impact sur l'eau»: P_{tot} 0,007 kg/tonne

ÉDITO

MAURICE MASHAAL
Rédacteur en chef

INTELLIGENCE ARTIFICIELLE ET ARTIFICES INTELLIGENTS

L'avènement puis la démocratisation d'internet et du web, dans les années 1990, marqueront l'histoire de l'humanité. Cette infrastructure de communication a suscité de grands espoirs universalistes, dont certains se sont réalisés, au moins en partie. Il suffit de songer aux archives en accès libre, à des projets collaboratifs comme Wikipédia, au commerce en ligne, aux réseaux de solidarité… On aurait pu penser que l'accessibilité d'immenses masses d'informations et de données accroîtrait l'instruction et l'éducation des habitants de la planète, et qu'elle contribuerait à une meilleure compréhension entre les humains ou leurs communautés, donc à un apaisement des conflits. Cette vision était exagérément optimiste: c'était compter sans la malveillance déjà bien enracinée à l'échelle des individus, des communautés ou des États.

Tout le monde s'en rend compte aujourd'hui, sur internet et ses réseaux sociaux se propagent massivement et rapidement toutes sortes d'informations fausses, qu'il s'agisse de manipulations délibérées ou juste d'informations erronées et rumeurs non vérifiées diffusées de bonne foi. Avec parfois des conséquences graves, comme on a pu le voir avec l'élection de Donald Trump ou avec le vote sur le Brexit.

Comment alors lutter contre ce phénomène et éviter qu'internet, après avoir nourri une utopie, ne se transforme en dystopie? L'un des angles d'attaque consiste d'abord à bien identifier les mécanismes par lesquels se diffuse la désinformation ainsi que les outils exploités par les manipulateurs. Ces outils incluent des robots logiciels, que les progrès de l'intelligence artificielle (IA) risquent de rendre encore plus performants et pernicieux. Un autre angle d'attaque est d'utiliser l'intelligence artificielle pour, au contraire, neutraliser les manipulations, repérer les contenus inacceptables échangés sur la Toile, sensibiliser les citoyens aux procédés de désinformation.

Des spécialistes de l'IA et de la modélisation des réseaux sociaux détaillent dans ce numéro ces deux angles (*voir pages 26 à 32 et pages 34 à 41*). Et nous font comprendre que la désinformation est l'objet d'une course aux armements probablement perpétuelle, que les sociétés démocratiques ne peuvent pas se permettre de perdre. ■

SOMMAIRE

N° 523 /
Mai 2021

Cahier partenaire
LA *TERRA INCOGNITA* DE L'ÉNERGIE
sponsorisé par
ENGIE
Au centre du numéro
Pages I à XXXII

POUR LA SCIENCE.FR
LETTRE D'INFORMATION
NE MANQUEZ PAS LA PARUTION DE VOTRE MAGAZINE GRÂCE À LA NEWSLETTER
- **Notre sélection d'articles**
- **Des offres préférentielles**
- **Nos autres magazines en kiosque**

Inscrivez-vous www.pourlascience.fr

ACTUALITÉS

P. 6
ÉCHOS DES LABOS
- La force gravitationnelle la plus faible jamais mesurée
- Toujours plus de jumeaux
- Des lymphocytes contre les cellules cancéreuses
- La toile cosmique dans l'œil de Muse
- Les rides martiennes en soufflerie
- Le squelette de l'agent du paludisme
- Covid long: une exploration à tâtons

P. 18
LES LIVRES DU MOIS

P. 20
HOMO SAPIENS INFORMATICUS
La naissance d'une architecture vraiment baroque
Gilles Dowek

P. 22
LES SCIENCES À LA LOUPE
Évaluation par les pairs ou par les tweets?
Yves Gingras

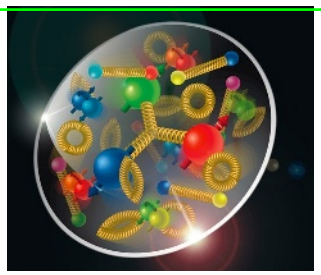
P. 24
DISPUTES ENVIRONNEMENTALES
La déforestation importée dans votre assiette
Catherine Aubertin

En couverture:
© Shutterstock.com/Pixels Hunter

Les portraits des contributeurs sont de Seb Jarnot

Ce numéro comporte un encart d'abonnement *Pour la Science*, jeté en cahier intérieur, sur toute la diffusion kiosque en France métropolitaine. Il comporte également un courrier de réabonnement, posé sur le magazine, sur une sélection d'abonnés. De plus, ce numéro comporte un encart *Pure Pepper* sur une sélection d'abonnés en France métropolitaine.

GRANDS FORMATS



P. 42
PHYSIQUE DES PARTICULES
ASYMÉTRIE CHEZ LES ANTIQUARKS DU PROTON
Sean Bailly

Au sein du proton, une «mer» de paires particule-antiparticule éphémères s'agite. Mais les différents types de ces composants n'y sont pas représentés à parts égales, comme vient de le confirmer une nouvelle expérience.

P. 54
PHYSIQUE
QUAND LA PHOTONIQUE S'INSPIRE DU VIVANT
Antoine Moreau et Pauline Bennet

Le monde des insectes présente des couleurs spectaculaires, liées à la présence de nanostructures dans leur carapace ou leurs ailes. Inspirés de ces structures et de la sélection naturelle, des algorithmes d'optimisation créent aujourd'hui des systèmes photoniques innovants et étonnants.

P. 48
GÉNÉTIQUE
LE PROJET «GÉNOME HUMAIN», VINGT ANS APRÈS
A. J. Gates, D. Morselli Gysi, M. Kellis et A.-L. Barabási

Le séquençage du génome humain a eu un impact considérable sur la génomique en termes de publications scientifiques, de nouveaux médicaments et de compréhension des maladies.

P. 64
HISTOIRE DES SCIENCES
SUR LES TRACES DE L'ORIGINE DU SIDA
Francis Barin

Il y a quarante ans, le monde médical repérait les premiers cas de sida. Mais d'où venait le virus? Il a fallu attendre la fin des années 2010 pour clore l'enquête sur l'origine de la pandémie.

À LA UNE

P. 26
TECHNOLOGIE

DÉSINFORMATION : LES ARMES DE L'INTELLIGENCE ARTIFICIELLE

Laurence Devillers

Propos haineux, théories du complot, fausses nouvelles ou manipulations déferlent sur la Toile grâce, notamment, au renfort de robots logiciels. Parallèlement, les chercheurs élaborent d'autres outils d'intelligence artificielle pour lutter contre ces fléaux.

P. 34
SCIENCES SOCIALES

RÉSEAUX SOCIAUX : LES RESSORTS DE LA DÉSINFORMATION

Filippo Menczer et Thomas Hills

Sur les réseaux sociaux d'internet, des robots logiciels se font passer pour des humains. Des modélisations aident à comprendre comment ils nous manipulent en exploitant nos biais cognitifs, tandis que des outils sont développés pour détecter ces faux profils.

RENDEZ-VOUS

P. 72
LOGIQUE & CALCUL

PATIENCES EN NOIR ET ROUGE

Jean-Paul Delahaye

Les patiences sont un stimulant prétexte pour faire des raisonnements stratégiques et des calculs probabilistes.

P. 78
ART & SCIENCE

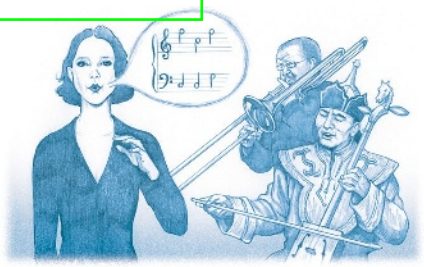
L'explosif « Secret de la Hollande »

Loïc Mangin

P. 80
IDÉES DE PHYSIQUE

Chanter deux mélodies à la fois

Jean-Michel Courty et Édouard Kierlik



P. 84
CHRONIQUES DE L'ÉVOLUTION

Le ver aveugle qui n'y voyait que du bleu

Hervé Le Guyader

P. 88
SCIENCE & GASTRONOMIE

Les mets adoucissent les vins

Hervé This

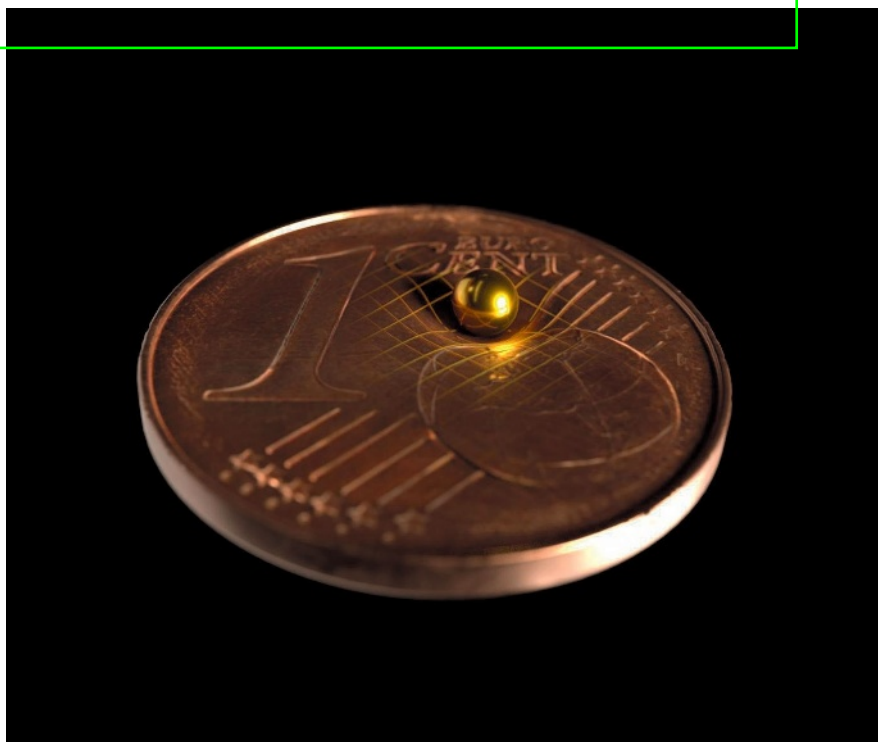
P. 90
À PICORER

ACTUALITÉS

P.6 *Échos des labos*
P.18 *Livres du mois*
P.20 *Homo sapiens informaticus*
P.22 *Les sciences à la loupe*
P.24 *Disputes environnementales*

PHYSIQUE

LA FORCE GRAVITATIONNELLE LA PLUS FAIBLE JAMAIS MESURÉE



L'expérience viennoise a porté sur des billes d'or d'environ 1 millimètre de rayon. La photo d'une de ces billes, posée sur une pièce de 1 centime d'euro, visualise bien l'échelle.

Une équipe viennoise a testé la loi de la gravitation newtonienne en étudiant l'attraction entre billes d'or de seulement 92 milligrammes.

En 1687, Isaac Newton a énoncé la loi de la gravitation universelle : la force gravitationnelle entre deux corps est proportionnelle au produit de leurs masses divisé par le carré de la distance qui les sépare. Particularité de cette force : elle est de loin la moins intense des interactions fondamentales. Par exemple, un aimant maintenu sur la porte d'un réfrigérateur grâce à l'interaction électromagnétique ne tombe pas, bien que ce soit l'ensemble de la Terre qui exerce sur lui la force de pesanteur. Cette faiblesse de la gravitation newtonienne fait qu'il est très difficile d'en mesurer l'effet entre de petites masses. Cependant, grâce à une nouvelle expérience, Markus Aspelmeyer, de l'Institut d'optique quantique et d'information quantique, à Vienne, en Autriche, et ses collègues viennent d'étudier la loi de Newton entre deux masses d'à peine 92 milligrammes chacune.

Depuis un peu plus d'un siècle, les physiciens interprètent plutôt la force gravitationnelle comme une conséquence de la courbure de l'espace-temps dont la dynamique est décrite par la théorie de la relativité générale d'Einstein. Mais dans la grande majorité des situations, la loi newtonienne en offre une très bonne approximation. Elle a été testée avec une très grande précision, notamment grâce à des objets en chute libre dans des colonnes sous vide.

Cependant, les physiciens n'ont pas mis à l'épreuve cette loi à de petites échelles ou entre de faibles masses. Or certains modèles théoriques, motivés par des observations cosmologiques ou par une démarche d'unification de la relativité générale avec la mécanique quantique, suggèrent que l'on pourrait observer des déviations à la loi de Newton dans ces conditions.

Dans ce contexte, Markus Aspelmeyer et ses collègues ont reproduit la célèbre expérience du physicien anglais Henry Cavendish, en 1798, qui a servi notamment à mesurer G, la « constante de gravitation » qui apparaît dans la loi de Newton. Le dispositif

© Tobias Westphal/Arkitek Scientific

consiste en une balance de torsion – une barre horizontale suspendue par le milieu à un fil, aux extrémités de laquelle on fixe une « masse test » et un contrepoids. Le système étant dans un plan horizontal et l'expérience étant menée dans ce plan, on s'abstrait de l'influence de la pesanteur terrestre. Quand on pivote légèrement la barre, la torsion du fil exerce une force de rappel et le système se met à osciller. Si l'on approche une grosse « masse source » de la masse test, son attraction gravitationnelle modifie les oscillations.

En guise de masses test et source, l'équipe de Markus Aspelmeyer a utilisé des billes d'or d'environ 92 milligrammes (et d'environ un millimètre de rayon). La bille source était approchée et éloignée de la bille test à une fréquence de 12,7 millihertz. La difficulté avec un système aussi léger était de contrôler les « bruits ». L'expérience a été réalisée sous vide pour limiter les vibrations acoustiques et le bruit thermique. Elle a été menée de nuit pour éviter les vibrations liées aux activités humaines (piétons, trafic routier, etc.). Et un mince film métallique placé entre les deux billes bloquait les éventuelles interactions électromagnétiques.

L'analyse du mouvement a montré qu'il avait deux composantes principales, l'une oscillant à 12,7 millihertz et l'autre à une fréquence double de 25,4 millihertz. Cette fréquence harmonique était attendue du fait que la loi de Newton, où intervient l'inverse du carré de la distance, n'est pas linéaire. En filmant le mouvement de la balance, les chercheurs ont confirmé que la force exercée est conforme à la loi newtonienne. Aucune expérience ne l'avait encore fait pour des masses aussi faibles.

Cette expérience n'est qu'une étape. Markus Aspelmeyer et ses collègues ont montré que l'on peut, en principe, continuer à réduire la masse des billes. Dans ce cas, il faudra encore mieux contrôler le bruit thermique, ce qui serait techniquement possible. L'objectif est de se rapprocher de la « masse de Planck », qui vaut 22 microgrammes et qui pourrait être l'échelle à laquelle des effets quantiques commenceraient à se manifester dans la force gravitationnelle. ■

SEAN BAILLY

T. Westphal *et al.*, *Nature*, vol. 591, pp. 225-228, 2021

DÉMOGRAPHIE

Toujours plus de jumeaux

La proportion de naissances gémellaires dans le monde a atteint un record historique, selon une étude menée sur 165 pays couvrant 99 % de la population mondiale. Le point avec l'un de ses auteurs, Gilles Pison, professeur au Muséum national d'histoire naturelle et chercheur associé à l'Institut national d'études démographiques.

Propos recueillis par THÉO TORCQ

GILLES PISON
démographe au MNHN, à Paris, et à l'Ined, à Aubervilliers

Pourquoi vous intéresser au nombre de naissances gémellaires ?

Les jumeaux sont des enfants fragiles, qui demandent plus de soins et sont plus fréquemment prématurés. En cas de grossesse gémellaire, l'accouchement présente plus fréquemment des complications. En tant que démographe de l'Afrique, je me suis donc d'abord intéressé à la naissance des jumeaux sur ce continent, qui était l'un des facteurs expliquant la forte mortalité infantile. Puis j'ai étendu mes recherches aux naissances de jumeaux dans le monde.

Qu'avez-vous observé ?

Il n'y a jamais eu autant de naissances de jumeaux dans le monde. En trente ans, leur fréquence a augmenté d'un tiers : on est passé, à l'échelle mondiale, de 9,1 accouchements gémellaires pour 1 000 accouchements dans les années 1980-1985 à 12,0 pour 1 000 dans les années 2010-2015. Avec 1,6 million d'accouchements gémellaires chaque année dans la période 2010-2015, soit 3,2 millions d'enfants jumeaux par an, cela signifie que près de 1 bébé sur 40 est un jumeau. Par ailleurs, près de 80 % de ces naissances ont lieu en Afrique et en Asie, dans des proportions à peu près égales. Pour l'Asie, c'est simplement parce qu'elle héberge 60 % de l'humanité. Dans le cas de l'Afrique, c'est dû à la conjonction de deux facteurs : d'une part, le taux de natalité y est bien supérieur qu'ailleurs ; d'autre part, le taux de gémellité, c'est-à-dire la proportion de grossesses gémellaires, y est le plus élevé du monde. Il est presque le double de celui en Asie et en Amérique du Sud. En Europe et en Amérique du Nord, le taux de gémellité était moitié moindre qu'en Afrique il y a trente ans, mais il a pratiquement doublé depuis, au point de se rapprocher de celui de l'Afrique et d'être assez loin devant l'Asie et l'Amérique du Sud.

Comment expliquer cette augmentation du taux de gémellité en Europe et en Amérique du Nord ?

Deux facteurs interviennent. Le premier est le retard des maternités : dans toutes les populations, on observe que le taux de gémellité augmente avec l'âge des femmes. Il est en effet lié au taux d'hormone de croissance folliculaire, la FSH, qui augmente avec l'âge. Cette hormone est nécessaire à la maturation des ovules et joue un rôle lors du déclenchement de l'ovulation. Attention : cela ne concerne que la fréquence des grossesses dizygotes (où deux ovules différents sont émis et fécondés au cours du même cycle). Celle des jumeaux monozygotes (issus de la fécondation d'un même ovule) ne varie pas quels que soient l'âge des mères, la région du monde et la période : 4 grossesses sur 1 000 sont des jumeaux monozygotes. Le second facteur est le recours à l'assistance médicale à la procréation (AMP). La stimulation ovarienne à l'aide d'hormones s'accompagne d'un risque élevé de grossesse multiple, de même que la fécondation *in vitro* (FIV), surtout quand plusieurs embryons sont réimplantés dans l'utérus après le recueil des gamètes et leur fécondation en éprouvette.

Pensez-vous que cette croissance du taux de gémellité va continuer ?

Difficile de le prévoir dans les pays développés. D'un côté, le nombre de couples qui recourent à l'AMP augmente et les femmes ont leurs enfants de plus en plus tard. Mais de l'autre, les nouvelles pratiques de FIV, où l'on implante un seul embryon à la fois, poussent le taux de gémellité à la baisse. Dans le Sud, l'Afrique devrait contribuer à la hausse du taux de gémellité mondial du seul fait que sa part dans la population mondiale va augmenter. En 2050, un humain sur quatre vivra en Afrique, voire un sur trois à la fin du siècle. ■

C. Monden *et al.*, Twin peaks : more twinning in humans than ever before, *Human Reproduction*, en ligne le 12 mars 2021

MÉDECINE

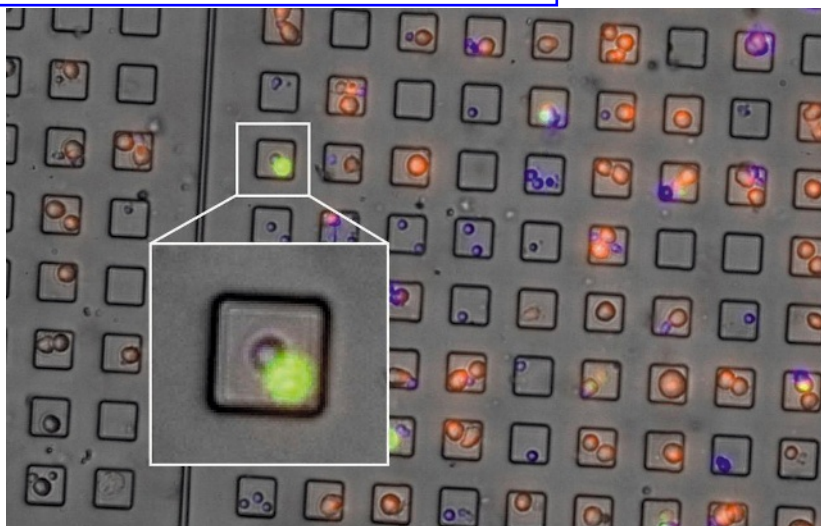
DES LYMPHOCYTES CONTRE LES CELLULES CANCÉREUSES

L'immunothérapie soigne encore peu de patients. Les lymphocytes T CD4, jusqu'ici non ciblés par ces thérapies, pourraient en élargir le champ d'action.

Dans le cadre de l'immunothérapie, la croissance de cellules tumorales est vue comme une pathologie du système immunitaire qui ne fait plus correctement son travail d'élimination des cellules anormales. Dès lors, l'idée n'est plus de tenter d'éradiquer directement la masse tumorale, mais de stimuler le système immunitaire pour qu'il la reconnaisse et la détruise. Problème : la réponse aux immunothérapies est encore très variable en fonction des tumeurs et des individus. Amélie Cachot, de l'université de Lausanne, et des collègues de Suisse et d'ailleurs viennent d'identifier un nouvel acteur cellulaire qui ouvre de nouvelles pistes pour mieux adapter les thérapies.

Jusqu'ici, les immunothérapies étaient développées pour cibler une population de globules blancs, les lymphocytes T CD8, dits « cytotoxiques », c'est-à-dire capables d'éliminer directement des cellules. Amélie Cachot et ses collègues ont montré *in vitro* que les lymphocytes T CD4 joueraient aussi ce rôle de tueurs de cellules cancéreuses. « Cette démonstration d'une activité fonctionnelle est importante car on savait que ces lymphocytes étaient présents sur les sites tumoraux, mais pas qu'ils pouvaient directement tuer les cellules tumorales. Ils ont au contraire été historiquement décrits comme les architectes de la réponse immunitaire, qui recrutent et assistent d'autres effecteurs immunitaires tels que les CD8 et les macrophages », explique Antonin Saldmann, immunologue à l'hôpital européen Georges-Pompidou, à Paris.

Les chercheurs se sont intéressés à un modèle de mélanome, une tumeur de la peau qui n'est pas la plus fréquente, mais la plus agressive, et qui est connue pour répondre assez bien aux immunothérapies. Ils ont alors isolé des lymphocytes T CD4 de patients et les ont mis en contact avec des cellules cancéreuses. Pour ce faire, ils ont créé des nanopuces de plus de 20 000 puits de 65 picolitres dans lesquels ont été déposés une seule cellule tumorale et un seul lymphocyte CD4. Ce suivi simultané de milliers de cellules a permis de découvrir que 30% environ des lymphocytes T CD4 sont capables de tuer une cellule tumorale, en une moyenne de 5 heures. Ces performances restent inférieures à celles des lymphocytes T CD8 utilisés comme contrôle, qui, pour 70% d'entre eux, détruisent les cellules tumorales en un peu moins de 2 heures et demie. Malgré cette efficacité moindre, cibler les CD4 aurait pour intérêt la capacité de ces lymphocytes à reconnaître des cellules qui échappent aux CD8.



Dans ces nanopuces, les lymphocytes T CD4 *(en bleu)* luttent contre les cellules tumorales *(en orange)*.

Cette propriété de certains des lymphocytes T CD4 à tuer une cellule tumorale serait décuplée par l'expression d'une molécule identifiée à leur surface, SLAMF7. L'activation de celle-ci se fait normalement par association avec une autre protéine SLAMF7, présente sur d'autres lymphocytes ou cellules immunitaires. En mimant cette interaction « homophile » par l'usage d'un traitement pharmacologique à base d'anticorps, les chercheurs ont augmenté la capacité lytique des lymphocytes. De quoi envisager d'en faire une cible thérapeutique pour amorcer une immunothérapie. Cependant, le processus de différenciation de ces lymphocytes en « tueurs » de cellules tumorales ainsi que leur régulation restent à décrypter. ■

NOËLLE GUILLON

A. Cachot *et al.*, *Science Advances*, vol. 7(9), article eabe3348, 2021

© 2021 EPFL Hatice Altug

EN BREF

QUAND LES ORGANOÏDES PLEURENT

Marie Bannier-Hélaouët et ses collègues, du centre médical universitaire d'Utrecht, aux Pays-Bas, ont développé des organoïdes simulant des glandes lacrymales. Exposés à de la norépinéphrine, un neurotransmetteur, ces organoïdes sont capables de pleurer. Comme ils n'ont pas de conduits lacrymaux, les larmes ne s'écoulent pas, mais font gonfler les glandes ! Ces organoïdes serviront peut-être dans des greffes pour traiter certaines maladies ophtalmiques.

Cell Stem Cell, 16 mars 2021

LES VENTS PUISSANTS DE JUPITER

On connaissait les vents puissants qui soufflent dans la troposphère et l'ionosphère de Jupiter, mais on connaissait moins les caractéristiques de ceux de sa stratosphère, située entre les deux. C'est maintenant chose faite grâce à Thibault Cavalié et ses collègues, de l'université de Bordeaux. Grâce au réseau d'antennes *Alma* (Atacama Large Millimeter/submillimeter Array), au Chili, ils ont observé des vents soufflant jusqu'à plus de 1 400 kilomètres par heure.

Astronomy & Astrophysics, 26 février 2021

LE GULF STREAM HISTORIQUEMENT FAIBLE

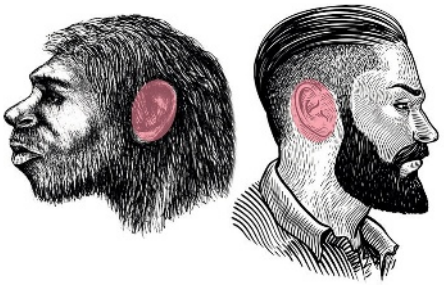
La circulation méridienne de retournement atlantique, l'un des composants du Gulf Stream qui influe sur le climat en redistribuant la chaleur sur la planète, aurait atteint son niveau le plus bas depuis des siècles. Levke Caesar, de l'université de Maynooth, en Irlande, et ses collègues ont reconstitué son évolution depuis mille six cents ans. Ils ont montré qu'après une longue période de stabilité, celui-ci a connu un premier déclin au XIXe siècle, puis un second plus marqué au milieu du XXe siècle.

Nature Geoscience, 25 février 2021

© Norman Lee, © Getty Images/Dorling Kindersley

PALÉOANTHROPOLOGIE

LES NÉANDERTALIENS ENTENDAIENT COMME NOUS



Le système auditif de Néandertal est très proche de celui d'*Homo sapiens*. Un indice de plus en faveur du langage articulé chez cette espèce humaine.

L'os hyoïde maintient la langue. Chez les Néandertaliens, deux os hyoïdes sont connus, très similaires au nôtre. En 2013, Ruggero D'Anastasio, de l'université de Chieti-Pescara, en Italie, et des collègues avaient scanné l'un des os hyoïdes néandertaliens, recréé son contexte biomécanique à l'ordinateur et montré qu'il a subi les mêmes contraintes dues à un usage intense de la parole qu'un os hyoïde d'*Homo sapiens*. Autour de Mercedes Conde-Valverde, de l'université d'Alcalá, à Madrid, une autre équipe vient de reproduire l'exercice pour l'oreille néandertalienne.

Les chercheurs ont exploité les tomographies des oreilles externe et moyenne de six des humains fossiles du site espagnol de Sima des los Huesos (430 000 ans), de cinq Néandertaliens (50 000 à 100 000 ans) et de dix humains récents pour créer des modèles numériques de leurs systèmes auditifs. Ils y ont ensuite mesuré, pour toutes les fréquences, la puissance sonore à l'entrée de la cochlée – cette partie de l'oreille interne enroulée en spirale contenant les terminaisons du nerf auditif. Cette caractérisation du filtrage acoustique opéré par les oreilles a montré que l'atténuation du son dans les oreilles des anciens habitants de Sima de los Huesos était intermédiaire entre celles des oreilles du chimpanzé et celles des humains modernes, tandis que celle des Néandertaliens était presque identique à celle de nos oreilles.

Ces résultats confirment donc ce que suggérait l'os hyoïde : *H. sapiens* et *H. neanderthalensis* ont évolué à partir de la même forme – l'*H. heidelbergensis* représenté par les fossiles de Sima de los Huesos – et développé des capacités comparables à produire et entendre les voyelles et les consonnes d'un langage articulé. ■

FRANÇOIS SAVATIER

M. Conde-Valverde *et al.*, *Nature Ecology & Evolution*, en ligne le 1er mars 2021

BIOLOGIE ANIMALE

L'ANTIBRUIT DE LA RAINETTE

Un mâle de la rainette arboricole *Hyla cinerea*, l'espèce étudiée par Norman Lee et ses collègues.

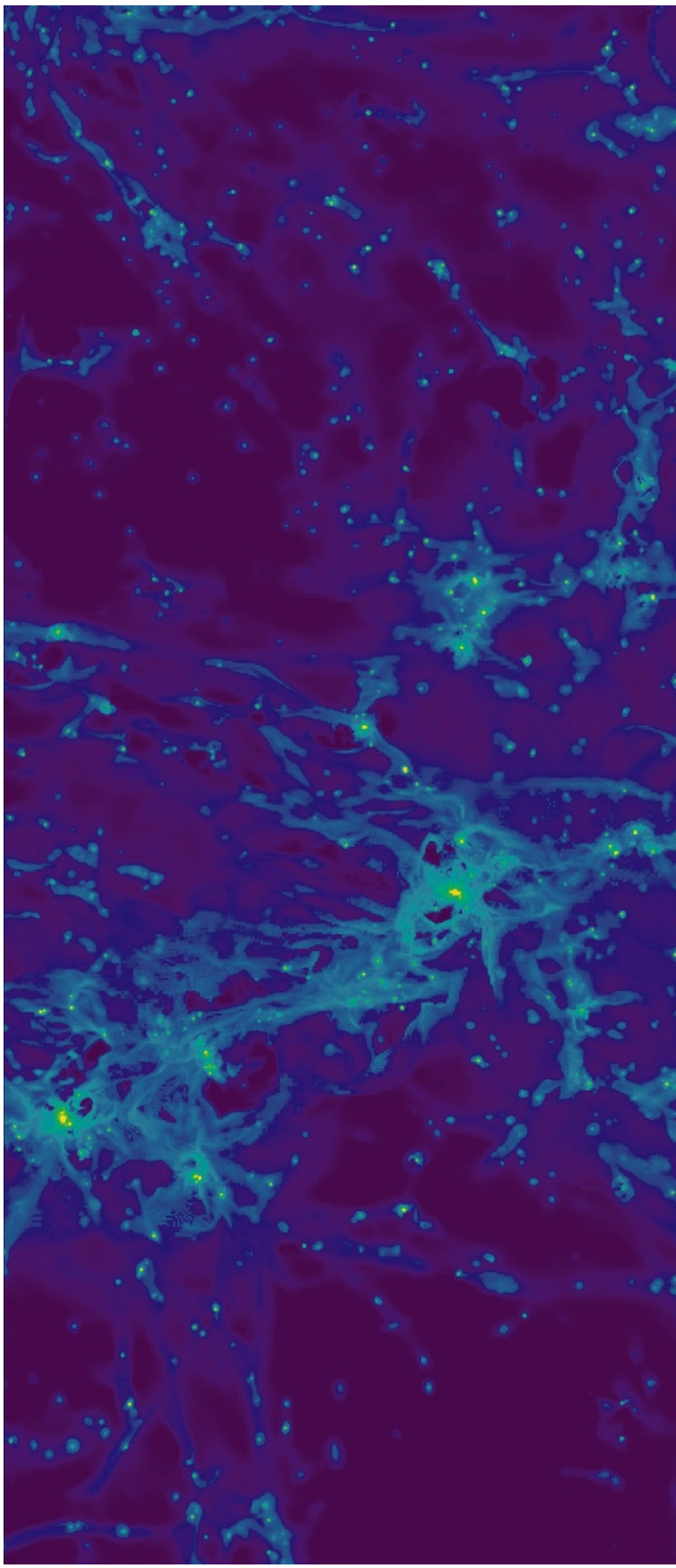
Qui ne s'est jamais retrouvé à tendre l'oreille désespérément pour entendre son interlocuteur lors d'une soirée bruyante ? D'une certaine façon, les grenouilles sont confrontées au même problème. Non seulement leurs rassemblements sont particulièrement bruyants, mais plusieurs espèces peuvent aussi donner de la voix en même temps. Norman Lee, de St. Olaf College, aux États-Unis, et ses collègues ont observé que chez les femelles rainettes vertes d'Amérique du Nord, poumons gonflés, la sensibilité des tympans diminue pour des fréquences comprises entre 1400 et 2200 hertz. La mise en résonance des poumons se communiquerait aux tympans et agirait comme un système antibruit en neutralisant le son venant directement sur les tympans. Or l'appel du mâle chez la rainette verte présente deux pics principaux, à 834 hertz et à 2730 hertz. Ainsi, ce filtre aiderait la femelle à focaliser son attention sur les sons des mâles de son espèce en réduisant le bruit moins pertinent des chants des autres espèces de grenouilles. ■

ALINE GERSTNER

N. Lee *et al.*, *Current Biology*, en ligne le 4 mars 2021

ASTROPHYSIQUE

LA TOILE COSMIQUE DANS L'ŒIL DE MUSE



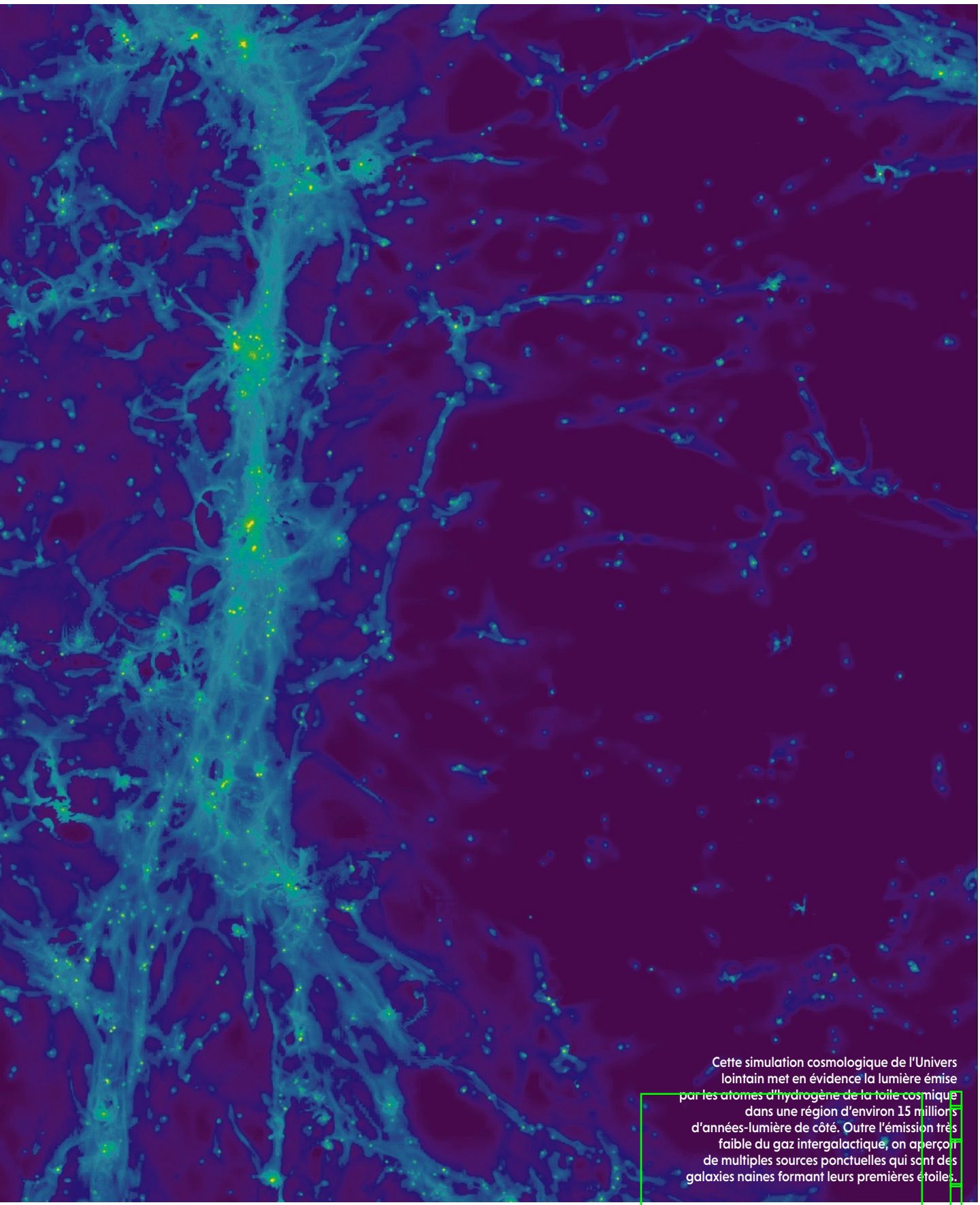
Aux plus grandes échelles de l'Univers, la matière se répartit de façon étonnante : de grands filaments qui encadrent de vastes régions quasi vides. Les simulations numériques de la formation des grandes structures dans le cadre du modèle du Big Bang ont de longue date prédit cette fameuse « toile cosmique ». Mais des observations directes et complètes manquaient jusqu'à présent. Grâce à l'instrument Muse du télescope *VLT* (*Very Large Telescope*), au Chili, Roland Bacon, du Centre de recherche astrophysique de Lyon, et ses collègues viennent d'identifier de tels filaments dans l'Univers jeune.

L'équipe a pointé le télescope pendant 140 heures sur une région particulière du ciel, déjà observée par le télescope spatial *Hubble*. Il s'agissait jusqu'à présent de l'aperçu du cosmos le plus profond jamais obtenu. Pour souligner la performance de Muse, l'image obtenue par ce dernier contient 2250 galaxies, dont 40 % étaient invisibles dans celle de *Hubble* !

Dans la région où l'Univers avait entre un et deux milliards d'années, les chercheurs ont identifié cinq zones où les galaxies sont en surdensité et qui présentent une faible lueur correspondant à des filaments de gaz. Restait à comprendre l'origine de ce rayonnement diffus. Grâce à des simulations numériques, l'équipe a eu la surprise de constater que cette lumière est probablement émise par des milliards de galaxies naines présentes dans les filaments. Avec un taux de formation d'étoiles très faible, ces galaxies ne sont pas assez brillantes pour être vues individuellement, mais, collectivement, elles esquissent la forme des filaments. ■

S. B.

R. Bacon *et al.*, *Astronomy & Astrophysics*, vol. 647, article A107, 2021



Cette simulation cosmologique de l'Univers lointain met en évidence la lumière émise par les atomes d'hydrogène de la toile cosmique dans une région d'environ 15 millions d'années-lumière de côté. Outre l'émission très faible du gaz intergalactique, on aperçoit de multiples sources ponctuelles qui sont des galaxies naines formant leurs premières étoiles.

© Jeremy Blaizot/projet SPHINX

GÉOSCIENCES

LES RIDES MARTIENNES EN SOUFFLERIE

Sur certaines photos prises des paysages martiens par le rover *Curiosity*, on distingue des dunes façonnées par le vent. Ces dunes séparées de centaines de mètres présentent également des rides sur des intervalles de l'ordre du mètre. Du fait d'une pesanteur moindre et d'une atmosphère plus ténue sur Mars, les spécialistes s'attendaient en effet à voir que les rides, espacées d'une dizaine de centimètres dans les déserts terrestres, soient plus étalées sur la Planète rouge. Or la découverte d'autres rides martiennes, espacées d'une dizaine de centimètres comme sur Terre, a semé le trouble. Pour y voir plus clair, Bruno Andreotti, de l'École normale supérieure, à Paris, et ses collègues ont étudié ce phénomène dans la soufflerie de l'université d'Aarhus, au Danemark, où il est possible de réaliser un vide partiel jusqu'à atteindre les conditions de pression martiennes.

Quand la pression diminue, la vitesse du vent doit être plus élevée pour arracher des grains de sable. Or, quand le vent souffle plus fort, le nombre de grains soulevés augmente. Ces derniers perturbent la circulation de l'air et ralentissent le vent dans une couche juste au-dessus de la surface. La distance moyenne parcourue par les grains emportés par le vent est alors toujours la même, indépendamment de la pression. Les rides ont ainsi les mêmes caractéristiques sur Terre et sur Mars. Les rides métriques ont une autre origine, liée au fait que la viscosité dite « cinématique » d'un gaz augmente quand sa densité diminue. Ainsi, sur Mars, l'atmosphère est plus visqueuse que sur Terre et les rides métriques seraient alors les homologues des rides « visqueuses » qui se forment au fond des rivières terrestres. ■

Image composite d'un paysage martien photographié par le rover *Curiosity*. On distingue des rides séparées d'environ 3 mètres surmontées de rides plus petites, espacées d'une dizaine de centimètres.

S. B.

B. Andreotti *et al.*, *PNAS*, vol. 118(5), article e2012386118, 2021

ÉVOLUTION

UN GÈNE MUTÉ POUR UN LONG COU

Puisque sa tête se trouve si loin au-dessus de son cœur, la girafe a besoin d'une pression artérielle double de celle de l'homme pour acheminer des quantités suffisantes de sang vers son cerveau. Une tension si élevée endommagerait sévèrement les organes et le système cardiovasculaire d'autres mammifères terrestres. Pour identifier les gènes responsables de ces caractéristiques biologiques uniques, Qiang Qiu, de l'université polytechnique du Nord-Ouest, en Chine, et ses collègues ont séquencé le génome d'une girafe de Rothschild. Ils ont identifié des mutations dans le gène *FGFRL1* comme potentiels responsables de cette adaptation. Ils ont ensuite introduit ces mutations particulières chez des souris. Traitées avec un médicament augmentant la pression artérielle, les rongeurs modifiés ont toutefois gardé une tension normale, ne présentaient pas ou peu de dégâts au niveau du système cardiovasculaire, et avaient des os plus denses et compacts. Autant de coadaptations qui ont permis à la girafe de supporter sa haute stature. ■

Une girafe dans la réserve de Buffalo Springs, au Kenya.

WILLIAM ROWE-PIRRA

C. Liu *et al.*, *Science Advances*, vol. 7(12), article eabe9459, 2021

EN BREF

UNE NOUVELLE BACTÉRIE SUR L'ISS

Dans le cadre du programme de recherche microbienne sur la *Station spatiale internationale*, de nombreux échantillons ont été prélevés à divers endroits de l'installation entre 2015 et 2016. Swati Bijlani, de l'université de Californie du Sud, et ses collègues ont isolé trois souches de bactéries non identifiées. Grâce à un séquençage génomique, ils ont montré qu'elles appartenaient toutes à une nouvelle espèce du genre *Methylobacterium*, et qu'ils ont nommée *M. ajmalii*.

Front. Microbiol., 15 mars 2021

COMMOTION CÉRÉBRALE : UN TEST SALIVAIRE

Au rugby, les chocs à la tête peuvent produire des commotions cérébrales, des blessures souvent difficiles à détecter. Valentina di Pietro, de l'université de Birmingham, et ses collègues ont montré qu'en cas de choc violent, la salive présente des marqueurs moléculaires spécifiques, des petits ARN non codants produits par les cellules de la bouche et de la gorge en réponse à des signaux venant des nerfs crâniens. Ce résultat ouvre la voie à des tests rapides et non invasifs.

Br. J. Sports Med., 23 mars 2021

BOULE DE GLU AU LHC

La « couleur » est l'équivalent pour l'interaction forte de la charge électrique pour l'interaction électromagnétique. Les quarks s'assemblent en trio ou en un duo quark-antiquark pour être neutre de couleur. Le gluon, le vecteur de l'interaction forte, porte aussi une couleur. Trois gluons pourraient donc former un assemblage neutre de couleur. L'existence de cet « odderon » vient d'être confirmée par les expériences *Totem* du LHC, à Genève, et *D0* du Tevatron, aux États-Unis.

https://arxiv.org/abs/2012.03981

© NASA/JPL-Caltech/MSSS, © Mogens Trolle

ASTROPHYSIQUE

UN LOINTAIN QUASAR RADIO

Le quasar P172+18 est une galaxie hébergeant un trou noir très actif et supermassif (290 millions de masses solaires). La lumière qui nous en parvient aujourd'hui a été émise quand l'Univers n'était encore âgé que de 780 millions d'années. Eduardo Bañados, de l'institut Max-Planck d'astronomie à Heidelberg, et ses collègues viennent de montrer que cet objet est le plus lointain quasar connu à ce jour dont les jets de matière émettent un rayonnement radio aussi puissant. Cette spécificité ne concernerait environ qu'un quasar sur dix. Ces jets radio sont encore mal connus, mais ils joueraient un rôle crucial dans la croissance rapide des trous noirs supermassifs. ■

VALENTIN RAKOVSKY

E. Bañados *et al.*, *The Astrophysical Journal*, vol. 909(1), article 80, 2021

BIOLOGIE

MÉMORISER SANS CERVEAU

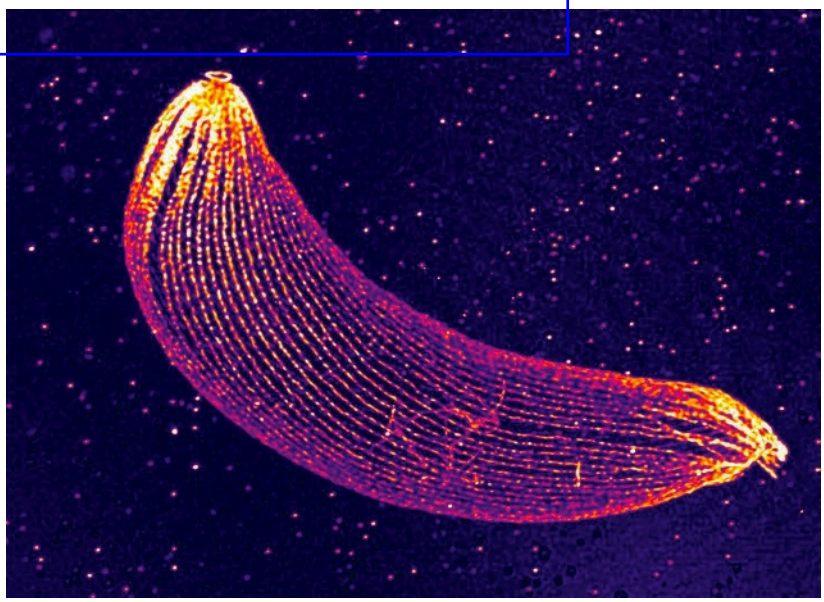
Organisme unicellulaire étonnant, *Physarum polycephalum*, surnommé «blob», est capable de retenir la localisation de sources de nourriture et d'établir entre elles un réseau optimal de transport des nutriments. Mirna Kramar et Karen Alim, de l'institut Max-Planck à Göttingen, ont étudié le mécanisme qui lui permet de mémoriser ces informations. Le blob se compose d'un réseau de tubes qui transportent le cytoplasme et les nutriments. À proximité d'une source de nourriture, un composé chimique libéré dans le cytoplasme interagit avec la membrane des tubes et en modifie le diamètre: les plus proches de la source en reçoivent davantage et s'élargissent, tandis que les autres rapetissent. L'importance du flux encode la position d'intérêt. La découverte d'un nouveau réservoir de nourriture conduit à une mise à jour du réseau, qui maintient le souvenir des précédents sites et les connecte de façon optimale. ■

T. T.

M. Kramar et K. Alim, *PNAS*, vol. 118(10), article e2007815118, 2021

BIOLOGIE

LE SQUELETTE DE L'AGENT DU PALUDISME



Le cytosquelette de l'ookinète, un des stades de développement du parasite du paludisme, présente une structure en forme d'anneau à l'une de ses extrémités.

Parfois nommé «fièvre des marais», le paludisme est une maladie causée par un parasite unicellulaire du genre *Plasmodium*. Celui-ci a besoin de deux hôtes, les humains et les moustiques anophèles. Afin de mieux comprendre la place de cet organisme dans l'embranchement des Apicomplexa, Éloïse Bertiaux et ses collègues, de l'université de Genève, se sont intéressés à la structure de son cytosquelette à différents stades de développement.

Un stade en particulier a attiré leur attention: celui des ookinètes, issus du développement du zygote dans l'intestin du moustique. Parmi les Apicomplexa, la présence ou l'absence à ce stade d'une structure nommée «conoïde», jouant un rôle dans la mobilité, a défini deux classes de parasites: les Conoidasida et les Aconoidasida. On rattachait *Plasmodium* à cette seconde classe, puisqu'on le pensait dépourvu de cette structure. Pourtant, les chercheurs ont découvert chez lui un «anneau apical de tubuline» (abrégé en ATR, en anglais), situé à l'une des extrémités du parasite, là où se trouve le conoïde chez les Conoidasida. Selon eux, il s'agit d'un vestige fortement réduit du conoïde, qui n'avait pas été observé jusque-là.

Chez les Conoidasida, le conoïde dépasse du corps du parasite lorsque celui-ci se déplace. Pour comprendre le rôle de l'ATR chez *Plasmodium*, Éloïse Bertiaux et ses collègues ont comparé à quel point l'ATR dépassait du corps du parasite, dans le cas d'ookinètes mobiles et d'ookinètes mutés à mobilité réduite. Ils ont constaté que l'ATR était davantage sorti chez les individus mobiles et en ont conclu qu'il y a ainsi un lien entre l'ATR et la mobilité des ookinètes. Cela renforce l'idée que l'ATR est bien une forme vestigiale des conoïdes présents chez les Conoidasida. ■

T. T.

É. Bertiaux *et al.*, *PLoS Biology*, vol. 19(3), article e3001020, 2021

© Unige/Hamel

MÉDECINE

COVID LONG : UNE EXPLORATION À TÂTONS

Après plus d'un an de pandémie, on commence à mieux cerner les caractéristiques du Covid long, ces symptômes qui persistent jusqu'à plusieurs mois après le diagnostic de Covid-19. Ses causes, en revanche, restent encore très opaques.

L'existence du Covid long n'est plus à démontrer. Partout dans le monde, des études ont décrit, chez un nombre significatif d'adultes de tous âges, la persistance de symptômes au-delà de vingt-huit jours. Certaines publications font état de symptômes se prolongeant jusqu'à trois à quatre mois après la maladie, voire six en Chine, où les patients sont suivis depuis plus longtemps.

Même l'ampleur du phénomène se précise. Le 31 mars dernier, notamment, une équipe britannique autour de Daniel Ayoubkhani, de l'Office pour les statistiques britanniques, a évalué son impact sur un vaste échantillon. Sur 47 780 patients admis à l'hôpital pour le Covid-19 puis rentrés chez eux, près d'un tiers ont dû y retourner dans les quatre mois et demi qui ont suivi leur sortie, et plus de 1 sur 10 sont morts après leur sortie d'hôpital – soit respectivement 4 fois plus que la proportion de personnes hospitalisées et 8 fois plus que celle de morts dans le groupe contrôle durant la même période.

Les symptômes commencent eux aussi à être bien répertoriés. Leur liste est longue et variée, ainsi que l'ont récemment rapporté Elaine Wan, du centre médical Irving de l'université Columbia, à New York, et ses collègues : fatigue, faiblesse musculaire, douleurs articulaires, difficultés respiratoires, toux, perturbation du sommeil, cerveau embrumé, maux de tête, anosmie, palpitations, douleurs à la poitrine, thromboembolie, dysfonctionnement rénal, perte de cheveux, problèmes intestinaux et hépatiques…

Fortes de ces données, plusieurs équipes ont proposé des pistes pour repérer les personnes à risque de Covid long et adapter leur prise en charge. Celle de Claire Steves, du King's College de Londres, notamment, a remarqué – en suivant une cohorte de 4 182 cas de Covid-19 – que les personnes qui présentaient plus de cinq symptômes pendant la première semaine de la maladie avaient plus de risques de développer un Covid long.

Malgré toutes ces avancées, cependant, une grande question demeure : celle des causes du Covid long. Les hypothèses sont nombreuses.

Le Covid long, souvent caractérisé par une fatigue intense, touche nombre d'adultes de tous âges.

Certaines assez classiques : tissus endommagés durablement, inflammation chronique, persistance du virus sous une forme latente… D'autres plus étonnantes. Ainsi, des chercheurs envisagent un dysfonctionnement des mitochondries, ces compartiments de la cellule qui lui fournissent de l'énergie. Le stress cellulaire que de tels dysfonctionnements introduisent est associé à une fatigue chronique similaire à celle observée dans le Covid long. D'autres invoquent un dommage du tronc cérébral. Ce dernier régule des fonctions aussi variées que la respiration, le rythme cardiaque et le transit intestinal, et assure le lien entre cerveau et nerfs périphériques – autant de fonctions perturbées chez des personnes atteintes de Covid long. Plusieurs équipes, enfin, relèvent des similitudes avec d'autres syndromes postinfectieux, tels ceux rapportés à la suite de la maladie de Lyme ou du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS), apparu en 2003. Ces investigations n'en sont qu'à leurs débuts, mais une chose est sûre : la recherche sur le Covid long est devenue incontournable.

MARIE-NEIGE CORDONNIER

Retrouvez tous nos articles sur le Covid-19 en accès libre sur www.pourlascience.fr

D. Ayoubkhani *et al.*, *BMJ*, vol. 372, article n693, 2021 ;
A. Nalbandian *et al.*, *Nature Medicine*, 22 mars 2021 ;
C. H. Sudre *et al.*, *Nature Medicine*, 10 mars 2021

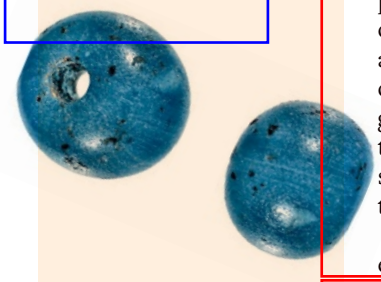
© Shutterstock.com/Elizaveta Galitckaia

EN BREF

PERLES VÉNITIENNES EN ALASKA PRÉCOLOMBIEN

Michael Kunz, du Musée du Nord de l'université d'Alaska, vient de découvrir dix perles de verre turquoise dans trois sites paléo-inuits. L'analyse par activation neutronique, une méthode d'identification des éléments chimiques d'un échantillon, de huit perles trouvées dans l'un des sites montre qu'elles proviennent de Venise. D'après la datation par le radiocarbone des fibres d'une ficelle accompagnant les perles, celles-ci datent d'entre 1397 et 1488. Donc de l'époque précolombienne !

American Antiquity, 20 janvier 2021



LE CHAMP MAGNÉTIQUE DU TROU NOIR DE M87

La galaxie M87 est devenue célèbre en 2019 lorsque la collaboration EHT (Event Horizon Telescope) a forgé la première image d'un trou noir, celui, supermassif, situé au cœur de M87. La même équipe a maintenant analysé la polarisation de l'anneau de lumière entourant cet objet. Avec ces données, les chercheurs ont cartographié les lignes de champ magnétique au plus près du trou noir. Elles suggèrent que le champ magnétique y est assez puissant pour repousser une partie du gaz chaud et l'empêcher de tomber dans le trou noir. Ce gaz alimenterait alors les jets qui émergent du centre de M87 et qui s'étendent sur 5 000 années-lumière.

Astrophys. J. Lett., 24 mars 2021

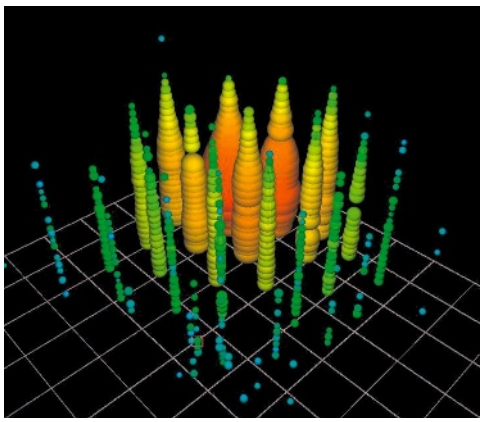
© Lester Ross et Charles Adkins, © Collaboration IceCube, © Unlocking History Research Group archive

PHYSIQUE DES PARTICULES

UN PROCESSUS RARE DÉTECTÉ

En 1960, le physicien américain Sheldon Glashow a imaginé une réaction particulière faisant intervenir un électron et un neutrino (ou plus précisément son *alter ego* d'antimatière, l'antineutrino) et produisant un boson W (particule encore non détectée à l'époque). La probabilité de ce processus est élevée si l'énergie combinée de l'électron et de l'antineutrino correspond à la masse du boson, auquel cas on parle de résonance de Glashow. Mais cette réaction est cependant impossible à réaliser avec des électrons immobiles dans le référentiel du laboratoire, c'est-à-dire de vitesse quasi nulle : la résonance ne serait atteinte que si l'antineutrino a une énergie de l'ordre de 6 pétaélectronvolts, soit environ 1000 fois l'énergie des protons accélérés dans le LHC du Cern, près de Genève. Cependant, certaines sources astrophysiques très violentes (explosions d'étoiles, fusion d'étoiles à neutrons, sursauts gamma, etc.) peuvent produire des antineutrinos de telles énergies. Lesquels, en arrivant sur Terre, pourraient interagir avec des électrons des atomes de la matière.

La détection d'une résonance de Glashow était notamment attendue dans l'expérience *IceCube*, une sorte de télescope pour ces neutrinos astrophysiques de haute énergie. Le dispositif comporte 5160 détecteurs optiques répartis sur 1 kilomètre cube dans la glace de l'Antarctique. Le 8 décembre 2016, l'équipe d'*IceCube* avait enregistré un événement dont l'énergie associée était d'environ 6 pétaélectronvolts. Grâce à une analyse statistique, les chercheurs ont confirmé la nature de l'événement : il s'agit bien d'une résonance de Glashow, prédite il y a soixante ans mais jamais observée. ■



Visualisation de l'événement du 8 décembre 2016. Chaque boule correspond à l'énergie enregistrée par un détecteur, et sa couleur code l'instant de détection.

S. B.

Collaboration IceCube, *Nature*, vol. 591, pp. 220-224, 2021

HISTOIRE DES TECHNIQUES

LIRE DES LETTRES SCELLÉES

Avant la généralisation de l'utilisation de l'enveloppe, les gens assuraient parfois la confidentialité de leur courrier en utilisant la technique du *letterlocking*. Cela consiste à plier de façon complexe la lettre qui sert elle-même d'enveloppe et y associer des scellés en cire, des bandelettes de papier ou des ficelles. Il est alors impossible d'ouvrir le courrier sans le déchirer et ainsi signaler que quelqu'un a déjà lu le contenu. Certaines de ces lettres nous sont parvenues scellées et portent une grande valeur en termes d'histoire des techniques. L'équipe menée par Jana Dambrogio, conservatrice aux bibliothèques du MIT, aux États-Unis, et spécialiste du *letterlocking*, a utilisé l'imagerie par microtomographie à rayons X pour obtenir un modèle 3D de certaines lettres, identifiant notamment les traces d'encre. Un programme de reconstruction a alors permis d'identifier les couches de papier et a virtuellement déplié la lettre. Les chercheurs ont ainsi réussi à lire sans l'ouvrir une lettre scellée datant de 1697. ■

Séquence générée par ordinateur pour déplier une lettre du XVIIe siècle de la collection Brienne et scellée par la technique de *letterlocking*.

S. B.

J. Dambrogio *et al.*, *Nature Communications*, vol. 12, article 1184, 2021

BIOLOGIE ANIMALE

UNE LIMACE DE MER SANS CORPS

Tout le monde a déjà fait l'expérience d'attraper un lézard des murailles par la queue, et de se retrouver avec l'appendice entre les doigts pendant que le reptile s'enfuit dans un recoin. Cette capacité de certains animaux à perdre volontairement une partie de leur corps se nomme «autotomie». On l'observe chez les lézards, mais aussi chez les arthropodes, les gastéropodes, les étoiles de mer, ou encore les amphibiens. La partie perdue est la plupart du temps non vitale et peut parfois se régénérer. Sayaka Mitoh et Yoichi Yusa, de l'université féminine de Nara, au Japon, ont découvert chez deux espèces de limaces de mer du genre *Elysia* une forme nouvelle et extrême d'autotomie. Ces animaux sont capables de ne conserver que leur tête, se séparant ainsi d'organes vitaux comme le cœur et le système digestif. La blessure à l'arrière de la tête se referme en une journée, et chez les individus les plus jeunes (âgés de moins d'un an), la tête recommence à se nourrir au bout de quelques heures. La régénération du corps débute sept jours après l'autotomie, et le corps est entièrement reformé, avec l'ensemble des organes en place, au bout de vingt jours.

La tête et le corps d'une limace *Elysia marginata* un jour après l'autotomie. La partie rejetée du corps représente plus de 80 % de la masse de l'animal et contient de nombreux organes vitaux.

La fonction de cette autotomie pose question. Sayaka Mitoh et Yoichi Yusa estiment qu'elle ne constituerait pas une adaptation face aux prédateurs. En effet, les limaces du genre *Elysia* subissent peu de prédation, grâce à leur capacité à se cacher et à accumuler des toxines récupérées dans les plantes dont elles se nourrissent. Les deux biologistes ont alors émis l'hypothèse d'une adaptation permettant de se débarrasser de parasites internes, ce que leurs expériences semblent confirmer. ■

NICOLAS BUTOR

S. Mitoh et Y. Yusa, *Current Biology*, vol. 31 (5), pp. R233-R234, 2021

MATHÉMATIQUES

LE PRIX ABEL 2021

L'informatique est partout dans notre quotidien et la frontière qui l'a longtemps séparée des mathématiques n'est plus pertinente. Les problèmes d'optimisation des réseaux, d'algorithmique ou de complexité présentent des enjeux applicatifs forts et font appel à des outils mathématiques poussés. Le Hongrois László Lovász et l'Israélien Avi Wigderson se sont particulièrement illustrés dans ces domaines. On leur doit, par exemple, l'algorithme LLL ou la démonstration de la conjecture de Kneser pour le premier, les preuves à divulgation nulle de connaissance, le produit zigzag de graphes pour le second. À l'image des précédents lauréats du prix Abel, comme Karen Uhlenbeck, Andrew Wiles, John Nash ou encore Mikhaïl Gromov, ces deux chercheurs ont profondément marqué leurs domaines de recherche. Ils sont récompensés du prix Abel «pour leurs contributions fondamentales à l'informatique théorique et aux mathématiques discrètes, et pour leur rôle de premier plan dans leur transformation en domaines centraux des mathématiques contemporaines». ■

László Lovász et Avi Wigderson.

S. B.

Site du prix Abel : https://www.abelprize.no/

EN BREF

UNE CELLULE MINIMALE QUI SE DIVISE BIEN

En 2016, une équipe américaine annonçait la synthèse d'une cellule « minimale », notée JCVI-syn3.0, fonctionnelle avec seulement 473 gènes. Mais une analyse a montré que lors de la division cellulaire, les cellules filles avaient des formes anormales. En ajoutant sept gènes à JCVI-syn3.0, James Pelletier, du MIT, et ses collègues ont rétabli un comportement comparable à certaines bactéries. Deux des gènes jouent un rôle dans la division cellulaire, les autres ont une fonction encore inconnue.

Cell, 29 mars 2021

PESTICIDES, UNE TENDANCE TROMPEUSE

La baisse de l'utilisation des pesticides, en termes de volume par hectare, est souvent mise en avant. Cette tendance masque la hausse de la toxicité de ces produits sur les espèces non ciblées. C'est le constat de l'étude menée par Ralf Schulz et ses collègues, de l'université de Coblence-Landau, en Allemagne. Ils ont étudié l'impact de 381 produits entre 1992 et 2016. L'introduction des néonicotinoïdes et des pyréthrinoïdes a fortement touché les pollinisateurs et invertébrés aquatiques.

Science, 2 avril 2021

LES « CRAMPONS » DES CELLULES

Au sein d'un organisme, chaque cellule se fixe à ses voisines. L'équipe de Bernhard Wehrle-Haller, de l'université de Genève, a étudié le rôle essentiel d'une protéine, la paxilline. Celle-ci permet aux cellules de percevoir leur environnement et régule le mécanisme d'ancrage en convertissant des réponses mécaniques en signaux chimiques. Avec une paxilline non fonctionnelle, la cellule est incapable de se fixer. Une piste pour empêcher les cancers de métastaser ?

Comm. Biology, 29 mars 2021

© Hungarian Academy of Sciences - Institute for Advanced Study, Princeton, États-Unis, © Sayaka Mitoh

LA « GLACE MANQUANTE » RETROUVÉE

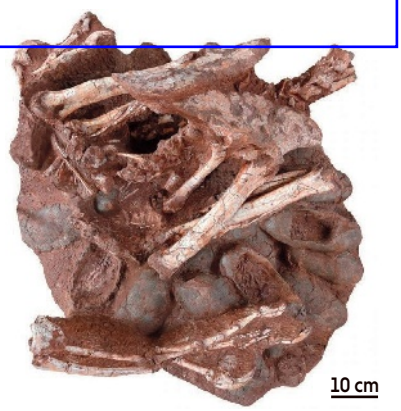
Lors du dernier maximum glaciaire, il y a 21 000 ans, le niveau des océans était près de 125 mètres plus bas qu'aujourd'hui, car une partie de l'eau était piégée dans des calottes de glace de plusieurs kilomètres d'épaisseur. Mais les différentes méthodes ne s'accordaient pas entre elles sur l'estimation de cette valeur. On parle du problème de la « glace manquante ». Evan Gowan, de l'institut Alfred-Wegener, en Allemagne, et ses collègues ont proposé un nouveau modèle. Ils prennent en compte certaines données géomorphologiques locales qui permettent de contraindre fortement la masse et l'extension des calottes. Résultat : le problème de la glace manquante disparaît.

Nature Comm., 23 février 2021

COUVAISON DE DINOSAURE

Les oiseaux sont aujourd'hui les seuls représentants des dinosaures. On sait que certaines de leurs caractéristiques sont apparues avant l'émergence de leur lignée. Mais il n'était pas clair si certains dinosaures antérieurs aux oiseaux couvaient déjà leurs œufs. Shundong Bi, de l'université du Yunnan, en Chine, et des collègues de plusieurs pays ont étudié un fossile d'oviraptorosaure retrouvé sur ses œufs, qui apporte de nouveaux indices sur le comportement de ces animaux.

Datant du Crétacé supérieur et mis au jour dans la formation de Nanxiong, près de Ganzhou, en Chine, ce fossile consiste en une couvée de 24 œufs en contact immédiat avec le squelette d'un adulte recouvrant le nid. On a retrouvé dans plusieurs œufs des restes d'embryons. La température d'incubation, estimée en analysant la composition isotopique de l'oxygène des coquilles et des os des embryons, s'est révélée plus proche de celle des oiseaux que de celle d'autres reptiles. Ces constatations et le fait que les embryons étaient à un stade avancé de développement indiquent que ces dinosaures couvaient bien leurs œufs, et que le spécimen retrouvé n'est pas simplement mort pendant qu'il pondait ou qu'il gardait son nid. ■



C'est la première fois que l'on trouve un fossile d'oviraptorosaure associant à la fois adulte et embryons.

T. T.

S. Bi *et al.*, *Science Bulletin*, en ligne le 16 décembre 2020

© Shundong Bi

MUSÉUM NAL HIST NATURELLE

PORTONS LA VOIX DE LA NATURE

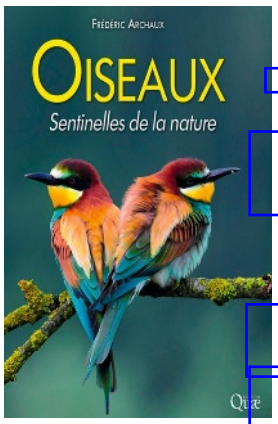
mnhn.fr

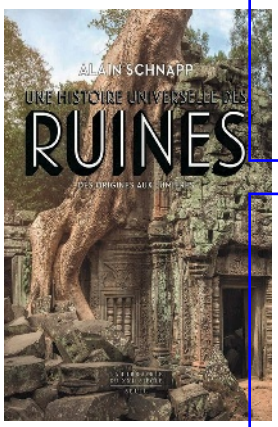
POUR LA SCIENCE

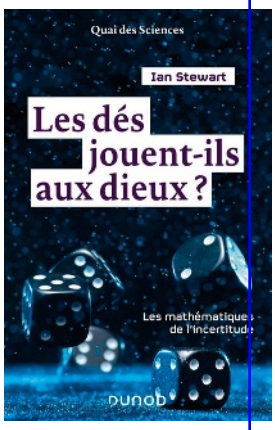
Découvrez les ***Manifestes du Muséum,*** une collection de **4 ouvrages** qui offrent un éclairage **scientifique** sur des sujets **d'actualité**.

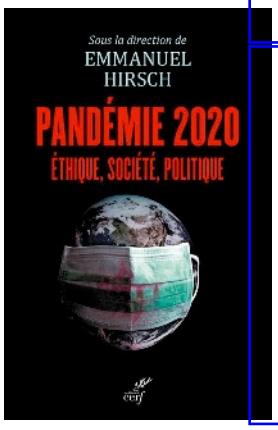
Écoutez ***Pour que nature vive,*** 12 podcasts pour **comprendre le vivant.**

POUR LE FUTUR DE NOTRE PLANÈTE, **PARTAGEZ NOTRE ENGAGEMENT !**









BIOLOGIE-ÉCOLOGIE

OISEAUX, SENTINELLES DE LA NATURE

Frédéric Archaux

Quae, 2020
176 pages, 26 euros

Ce qui frappe le lecteur dès qu'il ouvre ce livre, ce sont l'abondance et la beauté des photos, représentant de très nombreuses espèces d'oiseaux, dans la diversité de leurs milieux et de leurs comportements. Il ne s'agit pourtant pas là d'un de ces guides d'identification (au demeurant fort utiles) que nous proposent de nombreux éditeurs.

Ce que Frédéric Archaux nous offre ici, c'est une excellente introduction à la biologie et à l'écologie des oiseaux. Leur anatomie et leur physiologie les rendent uniques parmi les vertébrés actuels, du fait surtout de leur adaptation au vol, servie par cet organe si particulier qu'est la plume, trait commun aux quelque 10 000 espèces d'oiseaux actuellement recensées, dans leur immense diversité. Celle-ci se reflète aussi dans les comportements, de la nidification aux migrations, dont la complexité ne cesse d'étonner.

Les capacités d'adaptation des oiseaux leur ont permis de s'installer dans les milieux les plus variés, des montagnes aux océans en passant par les forêts, les champs et les villes, comme nous le rappelle l'auteur en se concentrant sur les espèces de nos régions – qui, même si elles ne constituent qu'une fraction de la diversité globale des oiseaux, suffisent à illustrer le remarquable succès évolutif de ce groupe d'animaux.

Un succès qui ne les met pas à l'abri des perturbations de leur environnement, dues davantage, comme le rappelle l'auteur, à la destruction des habitats et à des pratiques agricoles néfastes qu'au réchauffement climatique. À cet égard, les oiseaux sont bien des sentinelles de l'environnement. Et en dépit de leur familiarité, ces dinosaures d'aujourd'hui constituent un peu un monde à part, dont la singularité est bien mise en évidence par ce bel ouvrage.

ERIC BUFFETAUT
LABORATOIRE DE GÉOLOGIE, CNRS-ENS, PARIS

ARCHÉOLOGIE

UNE HISTOIRE UNIVERSELLE DES RUINES

Alain Schnapp

Seuil 2020
744 pages, 49 euros

«Tout s'anéantit, tout périt, tout passe. Il n'y a que le monde qui reste, il n'y a que le temps qui dure», écrivait Diderot méditant sur les tableaux d'Hubert Robert. Qu'elles résultent de la destruction du temps ou des hommes, les ruines «sont le moyen d'une méditation unique sur la condition humaine et le sens de l'histoire», écrit Alain Schnapp. Dans ce livre majestueux et magnifique, ce grand archéologue de la Grèce antique et historien de l'archéologie consigne une impressionnante somme de recherches et de réflexions, accomplissant le tour de force d'«une exploration stratigraphique» et mondiale de la pensée des ruines.

Le parcours qu'il propose met en lumière le rapport – de proximité ou de distance, d'inquiétude ou d'indifférence – que chaque civilisation a entretenu avec l'idée de ruines. Il nous conduit des pyramides d'Égypte au mythe juif de la tour de Babel, de la Grèce à la Rome antique, des mondes de l'Islam à la Chine et au Japon, de l'Europe médiévale et renaissante jusqu'au XVIIIe siècle où, selon Alain Schnapp, se forge notre concept moderne de ruines. C'est en effet à l'époque des Lumières, au confluent de la pensée scientifique, morale et politique, entre pratiques des antiquaires, recherches sur l'histoire de la vie et de la Terre et bouleversements de la Révolution française, que la notion de ruines prend une dimension universelle, embrassant la compréhension du passé autant que du futur.

Ce livre monumental n'a pourtant rien d'une encyclopédie. Porté par une idée-force, il accomplit magistralement son projet à partir d'études d'une grande finesse, s'attachant tour à tour à des textes savants, des œuvres poétiques et picturales, et soutenu par une belle iconographie qui, quoique parcimonieuse, éclaire remarquablement le propos.

CLAUDINE COHEN
DIRECTRICE D'ÉTUDES À L'EHESS ET À L'EPHE, PARIS

MATHÉMATIQUES

LES DÉS JOUENT-ILS AUX DIEUX ?

Ian Stewart

Dunod, 2020
352 pages, 23,90 euros

Nous combattons le hasard, car, pour tout effet, nous préférons identifier une cause. Parfois, cependant, nous le préférons… Ainsi, qui voudrait connaître l'heure de sa mort? Il n'empêche, les civilisations ont tenté de combattre le hasard en reliant la destinée à l'apparence d'un foie, à l'instabilité des images dans une boule de cristal ou à des figures dans le marc de café… L'auteur, un maître de clarté et de didactique, retrace ici tous les efforts investis par les humains pour faire des prévisions à l'aide des mathématiques.

Au lieu d'énoncer *ex abrupto* les théorèmes régissant le hasard, il retrace les difficultés des questions que les scientifiques se sont posées, leurs faux raisonnements avant d'apercevoir une lueur de vérité. Toutes ces questions, nous aurions dû ou pu les envisager, mais il est rare que l'ontogenèse suive la phylogenèse mathématique.

On a longtemps cru que l'incertitude n'était qu'une ignorance temporaire. La mécanique quantique et la théorie du chaos nous ont montré que certaines formes d'incertitude sont dans la nature des choses, aussi inévitable que difficile à accepter.

Les probabilités et les statistiques sont à manier délicatement. Ian Stewart nous incite à la réflexion par l'examen des erreurs passées dans les tests médicaux (la proportion de faux positifs des tests augmente avec la rareté de la maladie), dans la jurisprudence (condamnations liées à la multiplication de probabilités non indépendantes) et en économie (les dégâts associés à l'équation de Black et Scholes).

La nature des statistiques a aussi changé, souligne-t-il: on s'escrimait autrefois avec des données insuffisantes, aujourd'hui on recherche des causalités sur d'énormes quantités de données. Ce livre apporte des illuminations: merci, Ian Stewart.

PHILIPPE BOULANGER
FONDATEUR DE *POUR LA SCIENCE*

ÉTHIQUE-SANTÉ PUBLIQUE

PANDÉMIE 2020

Emmanuel Hirsch (dir.)

Cerf, 2020
868 pages, 24 euros

L'auteur, directeur depuis 1995 de l'Espace éthique de l'Assistance publique, devenu l'Espace de réflexion éthique de l'Île-de-France, avait publié en 2009 le livre *Pandémie grippale: l'ordre de mobilisation*. Il estimait alors le stock de masques et d'antiviraux insuffisant et appelait les citoyens à participer au débat scientifique sur les stratégies en vue des futures pandémies. Onze ans plus tard, après la survenue de la catastrophe, il propose, avec une centaine d'auteurs, une nouvelle vague de réflexions: quelque 800 pages qui tirent leur unité de l'application du point de vue éthique à toutes les facettes de la pandémie de Covid-19.

Pour la facette médicale: devant la pénurie de lits, l'évocation d'un «tri» des malades en réanimation, admis dans la chirurgie de guerre, révulse l'opinion. Pour la facette philosophique: contracté par l'urgence, le temps de la réflexion n'a pas permis de méditer la diversité des conditions humaines. Pour la facette historique: les relations internationales ont évolué dans la conduite de la lutte contre les épidémies. Pour la facette juridique: il faut examiner les graves conséquences sociales de l'usage à grande échelle des applications informatiques pour dépister les foyers de contagion, identifier les sujets contacts et contrôler les individus. Pour la facette anthropologique: le deuil et les rituels funéraires sont-ils transformés de façon transitoire ou définitive? Etc.

On y trouve aussi des pages d'anthologie sur l'inconvenance de la rhétorique de guerre quand il s'agit du soin, qui est par essence œuvre de paix.

Chacun, en feuilletant cette encyclopédie, identifiera les chapitres qui répondent à ses interrogations sur ce que devrait être la gouvernance de la santé. Autant dire qu'il s'agit d'un guide à compulser en vue des travaux pratiques d'une démocratie sanitaire à restaurer, pour gérer la prochaine pandémie de façon plus éthique.

ANNE-MARIE MOULIN
LABORATOIRE SPHERE, CNRS-UNIVERSITÉ DE PARIS

ET AUSSI

LA VOIX DES PÔLES

Lydie Lescarmontier

Flammarion, 2021
304 pages, 21,90 euros

D'une belle plume, l'autrice, docteure en glaciologie, croque ses aventures au cours de missions d'étude de l'écoulement du Mertz, un glacier géant de l'Antarctique. Vivant et bien mené, son texte, entrecoupé d'efficaces explications scientifiques des phénomènes abordés, évoque la vie sur le navire polaire *L'Astrolabe*, les personnages hauts en couleur qu'il embarque et les différents aspects de la réalisation d'une mission dangereuse sur la glace flottante. Un récit passionnant.

MYRRHA. UN (AUTRE) REGARD SUR L'ÉNERGIE NUCLÉAIRE

Jean-Pol Poncelet et Hamid Aït Abderrahim

Académie royale de Belgique, 2021
144 pages, 7 euros

Coûteux, le recyclage du combustible nucléaire effraie l'opinion, qui accepte mal les actinides mineurs, isotopes lourds qui ne décroissent de moitié qu'au bout de milliers, voire de millions, d'années. Pour envisager une production électronucléaire dépourvue de ce problème, le Centre belge de l'énergie nucléaire a lancé le projet *Myrrha* de réacteur à neutrons rapides piloté par un accélérateur de particules. Les auteurs, impliqués dans ce projet mené par plusieurs États, expliquent que ce nouveau type de machine est potentiellement très sûr et en mesure de transmuter des actinides. De quoi changer les termes du débat sur le nucléaire ?

PRENEZ VOTRE CŒUR À CŒUR

Jacques Fricker et Patrick Assyag

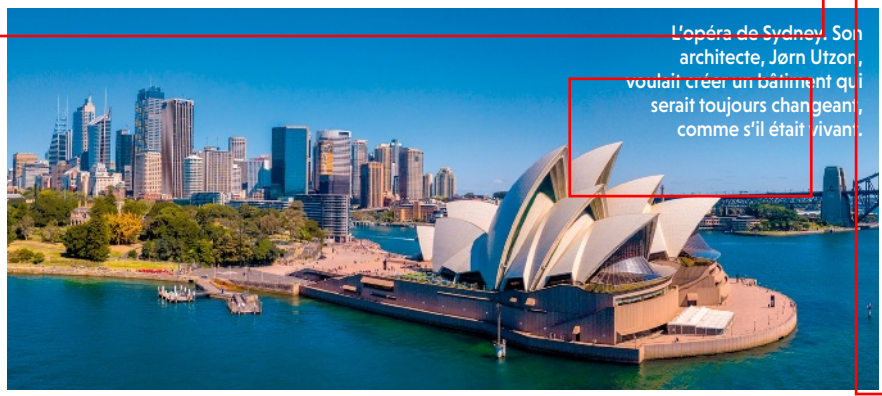
Odile Jacob, 2021
448 pages, 22,90 euros

Ce livre vous fera découvrir les grands pas accomplis par la recherche sur le cœur ; puis les régimes alimentaires, les aliments et les compositions de repas bénéfiques pour cet organe et les artères ; enfin, les sports entretenant le système cardiovasculaire, présentés de façon à aider chacun à choisir l'activité adaptée à sa situation. Cardiologues et nutritionnistes hospitaliers, les auteurs font apparaître évidente, mais aussi très intéressante, l'importance du sujet, dans un style efficace et clair.

LA CHRONIQUE DE
GILLES DOWEK

LA NAISSANCE D'UNE ARCHITECTURE VRAIMENT BAROQUE

Grâce à la puissance de calcul des ordinateurs, des structures étonnantes comme l'opéra de Sydney ont pu sortir de terre.



L'opéra de Sydney. Son architecte, Jørn Utzon, voulait créer un bâtiment qui serait toujours changeant, comme s'il était vivant.

Quand, dans la baie de Sydney, nous observons le toit de l'opéra, dessiné par le Danois Jørn Utzon, nous ne pouvons éviter de nous demander comment un objet aussi baroque (un coquillage? un voilier?) tient debout. D'ailleurs, dans les années 1950, beaucoup d'architectes et d'ingénieurs étaient eux aussi sceptiques quant à la possibilité de construire ce bâtiment. Et leurs doutes étaient partiellement justifiés, puisqu'il a fallu six ans (de 1957 à 1963) pour en calculer la structure.

L'équipe d'ingénieurs, menée par le Dano-Britannique Ove Arup, a réussi ce tour de force en utilisant les méthodes (résolution d'équations «à la main», construction de maquettes, test en soufflerie, etc.) et les instruments habituels de l'époque (règle à calcul, table de logarithmes, calculatrice mécanique, etc.). Mais elle est surtout l'une des premières à avoir utilisé un ordinateur pour concevoir un bâtiment: un Pegasus Mark 1, fabriqué en quelques dizaines d'exemplaires par l'entreprise britannique Ferranti. Comme, à cette époque, une entreprise de génie civil n'avait pas les moyens d'acheter un ordinateur, Arup a loué un ordinateur à l'heure et en a aussi utilisé un autre, qui appartenait à l'université de Southampton. Et comme les logiciels de calcul de structure n'étaient pas très courants, les ingénieurs ont dû écrire leurs propres programmes. Chaque calcul nécessitait plusieurs heures, sans compter les semaines de préparation et d'interprétation des résultats. On estime cependant que, sans ordinateur, le calcul de ce bâtiment aurait pris dix ans de plus, ce qui signifie qu'il n'aurait sans doute jamais été construit, ou qu'il aurait été très différent.

> **Sans ordinateur, l'opéra de Sydney n'aurait sans doute jamais été construit ou aurait été très différent**

D'une certaine façon, l'opéra de Sydney est peut-être un bâtiment plus baroque que l'église du Gesù, à Rome, car il est baroque dans sa forme même et non dans ses ornements. Et nous saisissons rétrospectivement pourquoi, avant Utzon et Arup, les architectes et les ingénieurs n'ont jamais édifié de bâtiments aussi spectaculaires: parce qu'ils n'avaient pas les moyens de les calculer. À chaque période de l'histoire, l'état des techniques détermine la forme des bâtiments: le ciment distingue l'architecture romaine de l'architecture grecque, l'arc brisé les cathédrales gothiques des églises romanes, etc. Nous comprenons de ce fait pourquoi, pendant des siècles, nos maisons ont été des parallélépipèdes, parfois surmontés d'un prisme: parce que ces formes classiques sont faciles à construire et parce que nous n'avions pas les moyens nécessaires pour calculer des bâtiments plus alambiqués.

Arup avait bien conscience que l'utilisation d'ordinateurs était en train de révolutionner l'architecture et le génie civil et, comme beaucoup de pionniers, il avait une attitude encore assez prudente face à cette révolution. L'une de ses maximes était d'ailleurs: «Si vous ne connaissez pas l'ordre de grandeur du résultat, n'utilisez pas l'ordinateur.»

Depuis ce point de bascule constitué par ce calcul de l'opéra de Sydney, d'autres architectes ont innové dans la forme des bâtiments, par exemple Frank Gehry avec le musée Guggenheim de Bilbao, calculé avec le logiciel de conception assistée par ordinateur Catia, initialement développé pour l'aéronautique.

Mais si nous avons les moyens de calcul pour imaginer d'autres formes de bâtiments, ces innovations n'ont aucune raison de se limiter aux salles de concert ou aux musées. Demain, ce seront peut-être nos bureaux et nos maisons qui auront des formes baroques, organiques et ondoyantes et qui ressembleront à des voiliers ou à des coquillages. ■

GILLES DOWEK est chercheur à l'Inria, enseignant à l'École normale supérieure de Paris-Saclay et membre du Comité national pilote d'éthique du numérique.

© Shutterstock.com/Ingus Kruklitis

ABONNEZ-VOUS À POUR LA SCIENCE

OFFRE D'ABONNEMENT

DURÉE LIBRE

3 FORMULES AU CHOIX

	FORMULE PAPIER	FORMULE PAPIER + HORS-SÉRIE	FORMULE INTÉGRALE
Le magazine papier 12 numéros par an	✓	✓	✓
Le magazine en version numérique 12 numéros par an			✓
Le hors-série papier 4 numéros par an		✓	✓
Le hors-série en version numérique 4 numéros par an			✓
Accès à pourlascience.fr actus, dossiers, archives depuis 1996			✓
VOTRE TARIF D'ABONNEMENT	**4,90 €** PAR MOIS	**6,50 €** PAR MOIS	**8,20 €** PAR MOIS
	29 % de réduction *	**31 %** de réduction *	**43 %** de réduction *

BULLETIN D'ABONNEMENT

À renvoyer accompagné de votre règlement à :
Service Abonnement Pour la Science – 56 rue du Rocher – 75008 Paris – serviceclients@groupepourlascience.fr

☑ OUI, je m'abonne à Pour la Science en prélèvement automatique

PAG21STD

1 / Je choisis ma formule (merci de cocher) et je complète l'autorisation de prélèvement ci-dessous.

☐ FORMULE **PAPIER**
- 12 n° du magazine papier

4,90€ PAR MOIS -29 %

1-F-PAP N-PVT-4,9€

☐ FORMULE **PAPIER + HORS SÉRIE**
- 12 n° du magazine papier
- 4 Hors-série papier

6,50€ PAR MOIS -31 %

1-F-HSPAP-N-3PVT-6,5€

☐ FORMULE **INTÉGRALE**
- 12 n° du magazine (papier et numérique)
- 4 Hors-série (papier et numérique)
- Accès illimité aux contenus en ligne

8,20€ PAR MOIS -43 %

1-F-INT-N-3PVT-8,2€

2 / Mes coordonnées

Nom : .....

Prénom : .....

Adresse : .....

.....

Code postal |_|_|_|_|_| Ville : .....

Tél. : |_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|

Courriel : ..... @ .....

(indispensable pour la formule intégrale)

J'accepte de recevoir les offres de Pour la Science ☐ OUI ☐ NON

3 / Mandat de prélèvement SEPA

En signant ce mandat SEPA, j'autorise Pour la Science à transmettre des instructions à ma banque pour le prélèvement de mon abonnement dès réception de mon bulletin. Je bénéficie d'un droit de rétractation dans la limite de 8 semaines suivant le premier prélèvement. Plus d'informations auprès de mon établissement bancaire.

TYPE DE PAIEMENT : PAIEMENT RÉCURRENT

Titulaire du compte

Nom : ..... Prénom : .....

Adresse : .....

.....

Code postal |_|_|_|_|_| Ville : .....

Désignation du compte à débiter

BIC (Identification internationale de la banque) |_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|

IBAN |_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|

(Numéro d'identification international du compte bancaire)

Établissement teneur du compte

Nom : .....

Adresse : .....

Code postal |_|_|_|_|_| Ville : .....

Date et signature

Organisme Créancier : Pour la Science
170 bis, bd. du Montparnasse – 75014 Paris
N° ICS FR92ZZZ426900
N° de référence unique de mandat (RUM)

4 / MERCI DE JOINDRE IMPÉRATIVEMENT UN RIB

Partie réservée au service abonnement. Ne rien inscrire

* Réduction par rapport au prix de vente en kiosque et l'accès aux archives numériques. Durée d'abonnement : 1 an. Délai de livraison : dans le mois suivant l'enregistrement de votre règlement. Offre valable jusqu'au 31/03/2022 en France métropolitaine uniquement. Pour un abonnement à l'étranger, merci de consulter notre site boutique.groupepourlascience.fr. Photos non contractuelles. Vous pouvez acheter séparément les numéros de *Pour la Science* pour 6,90 € et les hors-séries pour 7,90 €.

Les informations que nous collectons dans ce bulletin d'abonnement nous aident à personnaliser et à améliorer les services que nous vous proposons. Nous les utiliserons pour gérer votre accès à l'intégralité de nos services, traiter vos commandes et paiements, et vous faire part notamment par newsletters de nos offres commerciales moyennant le respect de vos choix en la matière. Le responsable du traitement est la société *Pour la Science*. Vos données personnelles ne seront pas conservées au-delà de la durée nécessaire à la finalité de leur traitement. *Pour la Science* ne commercialise ni ne loue vos données à caractère personnel à des tiers. Les données collectées sont exclusivement destinées à *Pour la Science*. Nous vous invitons à prendre connaissance de notre charte de protection des données personnelles à l'adresse suivante : https://rebrand.ly/charte-donnees-pls. Conformément à la réglementation applicable (et notamment au Règlement 2016/679/UE dit « RGPD ») vous disposez des droits d'accès, de rectification, d'opposition, d'effacement, à la portabilité et à la limitation de vos données personnelles. Pour exercer ces droits (ou nous poser toute question concernant le traitement de vos données personnelles), vous pouvez nous contacter par courriel à l'adresse protection-donnees@pourlascience.fr.

Groupe Pour la Science - Siège social : 170 bis, boulevard du Montparnasse, CS20012, 75680 Paris cedex 14 – Sarl au capital de 32 000€ – RCS Paris B 311 797 393 – Siret : 311 797 393 000 23 – APE 58.14 Z

LA CHRONIQUE DE
YVES GINGRAS

ÉVALUATION PAR LES PAIRS OU PAR LES TWEETS ?

Les commentaires postés sur des plateformes telles que Twitter perturbent le processus classique d'évaluation des articles scientifiques.

On entend régulièrement l'idée que, dans les publications scientifiques sérieuses, les articles sont «évalués par les pairs». Ces personnes sont censées être des chercheurs qui connaissent très bien le domaine traité dans l'article soumis. On peut donc penser que lorsqu'une telle revue publie un article, les évaluateurs ont fait leur travail, c'est-à-dire qu'ils ont vérifié la méthode et les données, et qu'ils se sont assurés que les conclusions découlent bien des données analysées.

Jusqu'au milieu des années 2000, cela s'effectuait dans le monde relativement clos des experts du domaine concerné par l'article. Car pour y identifier des erreurs, voire des fraudes, une lecture de près et donc une expertise suffisante sont nécessaires. De plus, à moins d'annoncer une découverte déconcertante remettant en question des faits ou des théories bien établies, il est probable que les évaluateurs, et ensuite les lecteurs, ne porteront pas trop d'attention aux détails méthodologiques, surtout si les résultats vont dans le sens prévu par le paradigme régnant dans le domaine.

Or la multiplication des revues scientifiques en libre accès et l'usage généralisé des commentaires *via* des plateformes telles que Twitter transforment radicalement cette dynamique de l'évaluation scientifique. On assiste ainsi de plus en plus à ce que j'appellerais «l'évaluation par les tweets»: des chercheurs et des étudiants commentent librement des articles qu'ils ont lus ou dont ils ont simplement entendu parler, pour en suggérer la lecture ou pour les critiquer.

> **Cette forme d'évaluation dérive vers la dénonciation de résultats jugés scandaleux**

Cette forme d'évaluation d'un article déjà publié peut bien sûr être utile et faire avancer la recherche; mais on constate qu'elle dérive de plus en plus vers la dénonciation de résultats vus comme scandaleux par certaines personnes qui réclament alors – souvent sans véritables arguments – la rétractation de l'article.

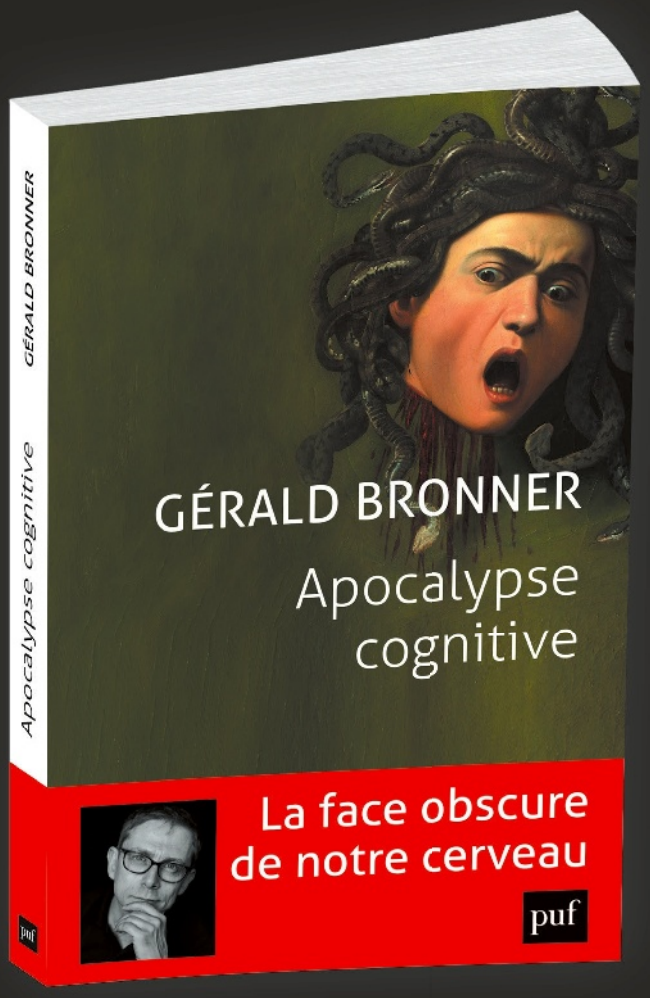
Un exemple suffira ici, mais on pourrait les multiplier. Un article de bibliométrie très technique paru le 17 novembre 2020 dans la revue *Nature Communications* concluait que les femmes scientifiques «mentorées», c'est-à-dire formées ou supervisées, par des hommes avaient plus d'impact scientifique (mesuré par le nombre de citations de leurs articles) que celles qui étaient mentorées par des femmes. Il n'en a pas fallu plus pour que quelques lecteurs et lectrices hurlent au sexisme et exigent la rétractation de l'article, pourtant signé par deux femmes et un homme. Les critiques mettaient en question l'interprétation voulant que «le sexe joue un rôle dans le succès des relations de mentorat entre les chercheurs débutants et confirmés», conclusion qui, selon elles, «mine le rôle des femmes mentors et mentorées».

Paniquée, *Nature Communications* a immédiatement ajouté sur son site que «cet article fait l'objet de critiques qui sont examinées par les éditeurs». Un mois plus tard, l'article était rétracté et tant la revue que les auteurs s'excusaient de tout «dommage involontaire» créé par cette publication!

Il ne s'agit pas ici de commenter la méthodologie complexe de cet article et son lien avec les conclusions, mais d'attirer l'attention sur l'effet pervers suivant: on peut raisonnablement penser que si les mêmes autrices, par la même méthodologie, avaient conclu le contraire, à savoir que les femmes mentorées par des femmes ont un impact scientifique supérieur à celles mentorées par des hommes, il est peu probable que l'article aurait été attaqué par une meute de «twitteux» et personne n'aurait exigé qu'il soit rétracté. Car, en science comme ailleurs, on critique rarement ce qui conforte nos croyances et convictions personnelles. ■

YVES GINGRAS est professeur d'histoire et sociologie des sciences à l'université du Québec à Montréal (UQAM) et directeur scientifique de l'Observatoire des sciences et des technologies (OST), au Canada.

EN LIBRAIRIE



« Un texte passionnant de bout en bout. »
François Busnel,
La Grande Librairie

« Un antidote indispensable. »
Géraldine Woessner,
Le Point

« Les médias s'arrachent les idées claires et malignes du sociologue Gérald Bronner. »
Juliette Cerf,
Télérama

« Un de nos sociologues préférés, qui explique simplement les choses qui nous tracassent. »
Mouloud Achour,
Clique

« Un livre choc. »
Mathieu Laine,
Les Échos

« Un livre utile qui permet de comprendre en profondeur les raisons de l'hystérisation des débats […] et une invitation à réagir. »
François Ernewein,
La Croix L'Hebdo

Suivez-nous
sur les réseaux sociaux

www.puf.com

puf

LA CHRONIQUE DE
CATHERINE AUBERTIN

LA DÉFORESTATION IMPORTÉE DANS VOTRE ASSIETTE

L'importation de soja brésilien favorise-t-elle la déforestation de l'Amazonie ? Pas vraiment. Le problème est ailleurs.

Un champ de soja au moment de la récolte, au Brésil. Ce pays est devenu en 2020 le premier producteur de soja, devant les États-Unis.

La forêt amazonienne fait régulièrement parler d'elle. Dans le passé, le Brésil n'a cessé de repousser toujours plus à l'ouest sa frontière, au détriment de la forêt et des populations locales. Ce pays doit aujourd'hui défendre sa souveraineté face aux écologistes qui considèrent la forêt amazonienne comme un bien commun, tandis que la convention-cadre des Nations unies sur les changements climatiques, adoptée en 1992, a érigé l'Amazonie en puits de carbone susceptible de compenser les émissions de gaz à effet de serre des pays industrialisés. Et les négociations en cours du traité de libre-échange entre l'Union européenne et le Mercosur (communauté économique des pays d'Amérique du Sud) mettent de nouveau cette région au centre de l'attention.

Le 12 janvier dernier, le président français Emmanuel Macron a marqué une nouvelle étape en déclarant sur Twitter, à l'issue du One Planet Summit: « Continuer à dépendre du soja brésilien, ce serait cautionner la déforestation de l'Amazonie. Nous sommes cohérents avec nos ambitions écologiques, nous nous battons pour produire du soja en Europe ! »

Le président du Brésil, Jair Bolsonaro, a eu beau jeu de tourner en dérision ces propos peu diplomatiques. En effet, moins de 10 % des 120 millions de tonnes de soja brésilien viennent d'Amazonie. Le soja est cultivé dans le sud et le centre du pays, dans les savanes du Cerrado, où il est en pleine expansion, 80 % des surfaces pouvant lui être consacrées en toute légalité. Le Cerrado a ainsi bien plus brûlé ces dernières années que l'Amazonie, et a perdu la moitié de sa végétation originelle.

> **Moins de 10 % du soja brésilien provient d'Amazonie**

En termes d'écologie, le véritable problème est donc la conversion d'écosystèmes naturels, qu'ils soient forestiers ou non, en monoculture industrielle. Quant à la déforestation de l'Amazonie, on peut difficilement l'imputer au soja. Comme l'a montré la surveillance satellitaire, les récents incendies sont principalement dus aux mafias du bois, au trafic de terres, à la colonisation agricole encouragés par Jair Bolsonaro: celui-ci s'évertue à détricoter toute loi de protection environnementale, et favorise ainsi l'invasion des terres indigènes et des aires protégées.

L'Europe aidera-t-elle à y remédier? La France a ouvert la voie en élargissant sa « stratégie de lutte contre la déforestation importée » aux importations de soja issu de la conversion d'écosystèmes naturels d'Amérique du Sud. Par ailleurs, réduire l'empreinte carbone des importations de matières premières est un objectif du pacte vert pour l'Europe et de l'accord de Paris pour le climat de 2015. L'Union européenne pourrait ainsi introduire des exigences supplémentaires à son accord de libre-échange avec le Mercosur, dont le Brésil fait partie: traçabilité, exclusion de la conversion des terres, conformité aux normes européennes...

Et le soja? L'élevage européen (volailles, vaches, porcs) ne peut s'en passer. À court terme, il est illusoire de concurrencer le soja brésilien fondé sur un paquet technique contesté (OGM et glyphosate), alors que l'agro-industrie européenne privilégie massivement les céréales et ne peut convertir de nouvelles surfaces sans menacer la biodiversité.

Peu de réflexions portent sur une maîtrise de la demande pour sortir de la dépendance au soja. Pourtant, la principale solution pour réduire l'empreinte carbone et de surface, ici et là, est connue: réduire la consommation de viande, d'œufs et de produits laitiers. Mais la remise en cause des modes de consommation est moins apte à séduire en même temps écologistes, éleveurs et agriculteurs que la dénonciation de la déforestation de l'Amazonie... ■

CATHERINE AUBERTIN, économiste de l'environnement, est directrice de recherche de l'IRD et membre de l'unité mixte de recherche Paloc (Patrimoines locaux, environnement et globalisation) au Muséum national d'histoire naturelle, à Paris.

© Shutterstock/Kelvin Helen Haboski

l'engagement de la génération Greta

tables rondes

— samedi 22 mai

cité sciences et industrie

© GettyImages

La paralysie des sociétés pendant la pandémie favorise la réflexion sur l'évolution de nos modes de vie. Face à la menace d'une récession économique et aux périls climatiques, des voix s'élèvent pour tenter des transformations radicales vers une société résiliente. Quand allons-nous enfin relever les défis environnementaux pour l'avenir ? Comment redéfinir le travail afin qu'il préserve le monde et les individus ? La situation inédite d'aujourd'hui engendrera-t-elle un monde meilleur ? Comme la jeune militante Greta Thunberg, symbole de la lutte écologiste, les jeunes générations entendent bien dire leur mot sur ces questions !

Des élèves de première et terminale du lycée de La Mare Carré de Moissy-Cramayel (77) présentent leurs réflexions et échangent avec des experts, sociologues et philosophes.

Au programme, deux tables rondes :

- **Relever les défis environnementaux**
- **Quel travail à l'ère de l'anthropocène ?**

ainsi que des témoignages, des clips vidéos, des podcasts…

Journée proposée en hommage au philosophe Bernard Stiegler (1952- 2020)

Accès gratuit sur réservation obligatoire ou en ligne suivant la situation sanitaire

AVEC LE SOUTIEN DE POUR LA SCIENCE

Informations **cite-sciences.fr**

L'ESSENTIEL

> Sur internet, des outils d'intelligence artificielle sont utilisés de façon malveillante pour propager des informations fausses ou pour influencer les internautes.

> Ces outils exploitent nos biais cognitifs et nos réactions émotionnelles. Les « nudges », qui consistent à inciter de façon imperceptible, renforceront leurs capacités de nuisance.

> Mais les « nudges » pourraient aussi aider les internautes à mieux résister à la désinformation.

> Des outils logiciels sont aussi développés pour traquer les contenus toxiques et repérer les robots malveillants œuvrant sur la Toile.

L'AUTRICE

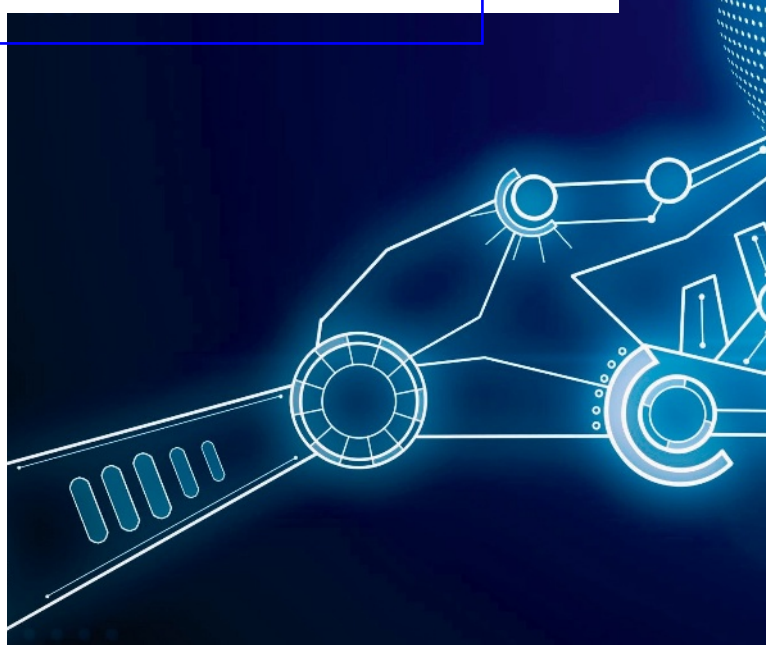
LAURENCE DEVILLERS
professeure d'intelligence artificielle à Sorbonne Université, à Paris, et chercheuse au Laboratoire interdisciplinaire des sciences du numérique (LISN, CNRS)

Désinformation
Les armes de l'intelligence artificielle

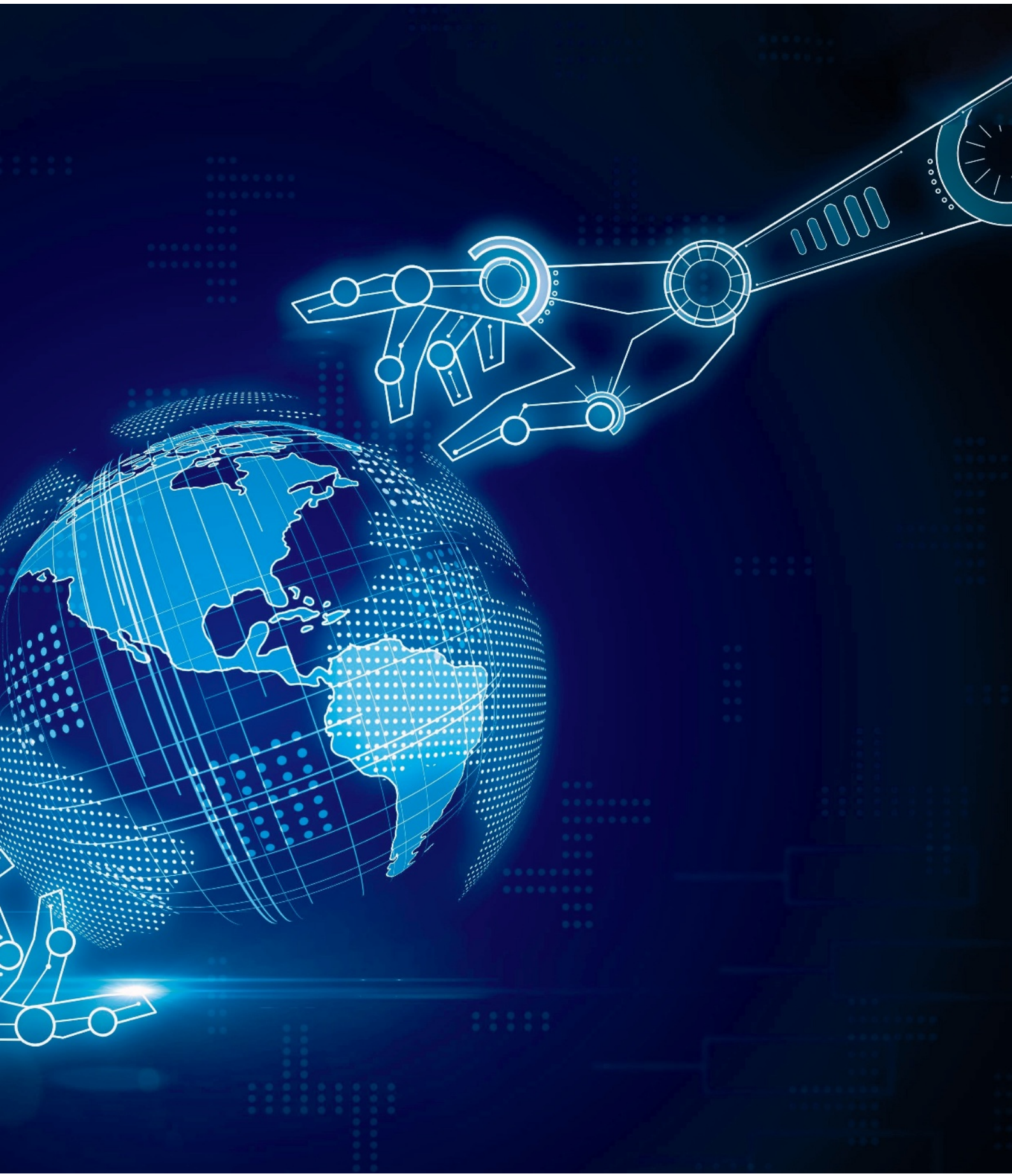
Propos haineux, théories du complot, fausses nouvelles ou manipulations déferlent sur la Toile grâce, notamment, au renfort de robots logiciels. Parallèlement, les chercheurs élaborent d'autres outils d'intelligence artificielle pour lutter contre ces fléaux.

Avec la pandémie de Covid-19, nous vivons une période d'incertitude et d'anxiété qui amplifie la propagation d'informations incomplètes ou fausses. Sur l'origine du virus, sur les traitements, sur les vaccins, sur les mesures de confinement comme sur de nombreux autres sujets, fleurissent informations fausses, théories du complot, propos haineux, jugements à l'emporte-pièce…

La désinformation sur internet est une partie importante de ce phénomène. Il s'agit de la diffusion massive et délibérée d'informations *via* les réseaux sociaux, les sites web, les forums, les messageries ou les trolls (internautes qui créent volontairement des polémiques) dans le but de tromper ou de manipuler. Et il ne faut pas oublier la mésinformation, c'est-à-dire la propagation >



© Shutterstock.com/Pixels Hunter



> d'informations non vérifiées, incomplètes ou incertaines par des internautes qui n'ont bien souvent pas conscience des conséquences délétères de leurs actions.

Ainsi, compte tenu de l'arrivée massive d'informations provenant de sources multiples, contrôler la crédibilité et la fiabilité des données circulant en ligne devient une tâche urgente. D'autant que les techniques d'intelligence artificielle (IA) se développent et que les manipulateurs en tous genres n'hésitent pas à s'en servir.

Citons par exemple les techniques du *deepfake*, qui permettent de truquer des vidéos en leur superposant d'autres bandes-son ou images. Par ailleurs, sur les réseaux sociaux, l'utilisation de « bots », des robots logiciels, devient de plus en plus fréquente. Il existe ainsi des comptes automatisés, gérés par un algorithme plutôt que par une personne réelle, qui peuvent influencer le comportement des internautes, émettre des avis et renforcer des opinions. Ces faux profils alimentent des réseaux complexes en administrant des groupes, en augmentant le nombre de leurs membres et en « likant » les messages sur les pages. On estime que jusqu'à 15 % des comptes Twitter actifs sont de faux comptes pilotés par des bots.

La menace va grandissant. Demain, ces bots seront capables d'interagir personnellement avec les internautes en détectant leurs émotions et leurs intentions. En exploitant nos biais cognitifs (*voir la figure page ci-contre*), ils pourront nous manipuler de façon très efficace et nous inciter par exemple à adhérer à un parti politique ou à acheter des produits censés nous apporter du bien-être. Les défis portent donc, d'une part, sur la vérification de la crédibilité des informations émises ou relayées par les internautes et par les bots, et, d'autre part, sur la vérification des « intentions » de ces machines.

Les développements dans le domaine de l'intelligence artificielle devraient conduire à des outils de plus en plus efficaces pour traquer sur internet les propos haineux, offensants ou menaçants (*voir l'encadré pages 30 et 31*). Comme le préconisent la Commission européenne et le rapport (2019) de la mission « Régulation des réseaux sociaux – Expérimentation Facebook » commanditée par le gouvernement français, il est nécessaire de mener une réflexion d'ampleur sur la constitution de bases de données communes pour améliorer les outils numériques de lutte contre la désinformation et la mésinformation.

Des outils sont également disponibles pour détecter les faux profils et cartographier la diffusion de fausses nouvelles. Les ingénieurs de Facebook ont par exemple mis au point un outil d'apprentissage automatique qui a déjà permis de supprimer des milliards de faux comptes en 2020. Mais dès qu'un faux profil est à terre, un autre surgit. Pour mieux enrayer les dérives informationnelles sur les réseaux sociaux, il est donc nécessaire de comprendre les ressorts de la désinformation sur ces plateformes (*voir l'article pages 34 à 41*), mais aussi les manipulations possibles à partir de la détection de nos comportements.

De nouveaux terrains de recherche en intelligence artificielle s'ouvrent donc : identifier les fausses informations, les rumeurs et les préjugés, résoudre les conflits entre des sources de données hétérogènes, mais aussi détecter les trolls ou les bots qui cherchent à nuire en propageant des rumeurs ou en manipulant les opinions.

LES BIAIS COGNITIFS, LES ÉMOTIONS ET LE « NUDGE »

Sur les réseaux sociaux en ligne, la diffusion « virale », c'est-à-dire de façon massive et rapide, de certaines informations tient en grande partie à la capacité d'attention limitée des internautes, à leur appétence pour les réactions émotionnelles et aux biais cognitifs qui piègent nos raisonnements. Les plateformes numériques telles que Facebook, Twitter ou Instagram ont ainsi pour effet d'augmenter considérablement la visibilité des usagers malintentionnés ou de ceux qui sont prompts à exprimer librement des opinions. Certes, le principe de liberté d'expression est revendiqué par nos sociétés occidentales, mais les opinions exprimées sur les réseaux sociaux sont souvent des jugements rapides, des idées reçues, des évidences, des préjugés, des lieux communs… Des contenus dont la qualité ne se juge pas au nombre de clics qu'ils suscitent !

Les biais cognitifs jouent un rôle central dans la propagation de tels contenus et de la désinformation. Et les futurs bots malveillants risquent de les exploiter de façon encore plus puissante et plus explicite. Dans les années 1970, les biais cognitifs ont été étudiés dans le cadre de l'économie comportementale, afin de comprendre nos décisions et comportements irrationnels. Les psychologues en ont recensé plusieurs dizaines, parfois classés en quatre catégories : les biais qui découlent d'un trop-plein d'informations, ceux dus à un

En 2020, Facebook a supprimé, grâce à un outil d'IA, des milliards de faux comptes

BIAIS DE CONFIRMATION

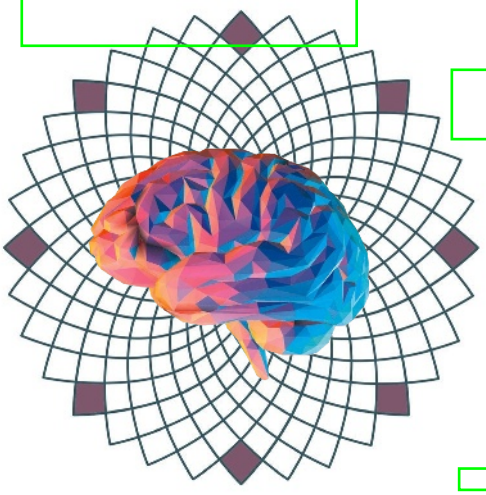
Tendance à accorder davantage de crédit et d'attention aux informations et événements qui confortent nos croyances, opinions ou préjugés.

BIAIS DE NÉGATIVITÉ

Tendance à être davantage marqué par les expériences négatives que par les expériences positives.

BIAIS DE L'ANGLE MORT

Incapacité de l'individu à reconnaître ses biais cognitifs, alors qu'il les remarque chez autrui.



BIAIS D'ANCRAGE

Difficulté à se départir d'une première impression, qui pousse à se fier à l'information reçue en premier dans une prise de décision.

ILLUSION DES SÉRIES

Tendance à trouver des régularités dans une série aléatoire d'événements.

EFFET GOOGLE

Tendance à oublier les informations qui sont facilement accessibles par une recherche sur internet, plutôt que de les mémoriser.

EFFET DE L'INFLUENCE CONTINUE

Tendance à croire en une information reçue antérieurement même si elle s'est révélée fausse et qu'elle a été corrigée.

BIAIS D'AUTOCOMPLAISANCE

Tendance de l'individu à attribuer ses succès à ses qualités propres et ses échecs à des causes externes, indépendantes de lui.

manque de sens que l'individu cherche à combler, ceux liés au besoin d'agir vite et ceux induits par les limitations de la mémoire.

Le psychologue et économiste américano-israélien Daniel Kahneman, l'un des pères fondateurs de ce courant, Prix d'économie en mémoire d'Alfred Nobel en 2002, a montré dans ses travaux avec Amos Tversky le rôle important des émotions et des biais cognitifs dans nos processus de décision.

Une étape supplémentaire est venue avec un concept mis en exergue en 2008 par les Américains Richard Thaler et Cass Sunstein, et dont la mise en œuvre exploite les biais cognitifs et les réactions émotionnelles des humains. Ces deux chercheurs ont montré qu'à l'aide d'une conception appropriée des choix proposés aux individus, on peut améliorer de façon spectaculaire les décisions que ces individus prennent, sans forcer explicitement quiconque à faire quoi que ce soit. Richard Thaler et Cass Sunstein ont nommé *nudge* («léger coup de coude», en anglais) cette tactique de modification subtile du comportement.

Les *nudges* sont des sortes de coups de pouce imperceptibles qui prennent des formes très variées et qui sont utilisés dans divers contextes, notamment dans le marketing et la politique. L'exemple de *nudge* sans doute le plus connu est celui de la mouche peinte dans le bas de certains urinoirs: elle constitue une cible naturellement visée par les usagers, et aide ainsi à maintenir propres les toilettes. Autre exemple: fréquemment, lorsque vous recherchez une chambre d'hôtel sur internet, le site vous informe qu'il y a, mettons, 10 autres personnes qui regardent la même chambre et qu'elle est la seule qui reste dans l'établissement. Cela vous incite alors à la réserver.

En d'autres termes, les *nudges* sont des incitations douces, sans coercition, qui guident les individus vers un choix par défaut mais non obligatoire, la liberté de décision devant toujours être accordée aux individus. Ils sont une forme douce de manipulation, celle-ci pouvant être définie comme l'exercice d'une influence par une personne ou un groupe, dans l'intention de tenter de contrôler ou de modifier les actions d'une autre personne ou d'un autre groupe. Le *nudging* opère principalement à travers les éléments affectifs d'un système rationnel humain, la perception, l'attention, la mémoire, le jugement moral, la prise de décision, etc. étant influencés par les émotions.

Le *nudge* devient de plus en plus pertinent pour les développeurs de technologies ciblant les soins de santé. Ainsi, l'université de Pennsylvanie a créé en 2016 au sein de son système hospitalier une unité dévolue aux *nudges* (Penn Medicine Nudge Unit). Parmi les nombreux projets qu'il a réalisés, ce groupe a par exemple conçu des options par défaut pour les intégrer au système informatique utilisé par les médecins, options qui ont eu pour effet >

Notre raisonnement est souvent affecté par des biais cognitifs que les manipulateurs exploitent ou qui, par eux-mêmes, jouent un rôle essentiel dans la propagation virale des informations sur les réseaux sociaux. Les psychologues ont recensé plusieurs dizaines de biais cognitifs; quelques-uns, parmi les plus répandus, sont indiqués ici.

© Shutterstock.com/Jolygon

IDENTIFIER LES CONTENUS TOXIQUES

Les plateformes sociales sur internet, grandes et petites, luttent pour protéger leurs communautés contre les discours de haine, les contenus extrémistes, le harcèlement et la désinformation. Très récemment, aux États-Unis, des agitateurs d'extrême droite ont ouvertement publié des informations sur des plans visant à prendre d'assaut le Capitole avant de le faire le 6 janvier. Une solution pourrait venir de l'intelligence artificielle (IA) : il s'agirait de développer des algorithmes qui détectent des commentaires toxiques et incendiaires et nous les signalent pour qu'ils soient retirés. Mais de tels systèmes sont confrontés à de grands défis.

La prévalence du langage haineux ou offensant en ligne a augmenté rapidement ces dernières années, et le problème est maintenant grave. Dans certains cas, des commentaires toxiques en ligne ont entraîné des violences réelles, du nationalisme religieux au Myanmar à la propagande néonazie aux États-Unis.

Les plateformes des réseaux sociaux, qui s'appuient sur des milliers de vérificateurs humains, luttent pour modérer le volume toujours croissant de contenus préjudiciables. En 2019, il a été rapporté que les modérateurs de Facebook risquent de souffrir de troubles de stress post-traumatique à la suite d'une exposition répétée à des contenus aussi dérangeants.

Confier au moins en partie ces activités de modération à des systèmes à apprentissage automatique aiderait à gérer les volumes croissants de contenus préjudiciables, tout en limitant l'exposition humaine à ces derniers. Et en effet, de nombreux géants de la technologie intègrent des algorithmes dans leur modération de contenus depuis des années.

C'est le cas de Google Jigsaw, une entreprise qui s'efforce de rendre internet plus sûr. En 2017, elle a contribué à la création de Conversation AI, un projet de recherche collaboratif visant à détecter les commentaires toxiques en ligne. Cependant, un outil produit par ce projet, appelé Perspective, a fait l'objet de nombreuses critiques. Un reproche fréquent était qu'il créait un « score de toxicité » général qui n'était pas assez flexible pour répondre aux besoins variés des différentes plateformes. Par exemple, certains sites web souhaitent détecter les menaces mais pas les blasphèmes, tandis que d'autres ont des exigences opposées.

Un autre problème est que l'algorithme, après apprentissage, ne distinguait pas les commentaires toxiques des commentaires non toxiques contenant des mots liés au sexe, à l'orientation sexuelle, à la religion ou au handicap. Par exemple, un utilisateur a signalé que des phrases neutres et simples telles que « Je suis une femme noire lesbienne » ou « Je suis une femme sourde » donnaient des scores de toxicité élevés, tandis que « Je suis un homme » donnait un score faible.

À la suite de ces préoccupations, l'équipe de Conversation AI a invité les développeurs à entraîner leurs propres algorithmes de détection de toxicité et à les inscrire à trois concours (un par an) organisés sur Kaggle, une filiale de Google connue pour sa communauté de praticiens de l'apprentissage automatique, ses ensembles de données publiques et ses défis.

Pour aider à entraîner les algorithmes, Conversation AI a publié deux ensembles de données publiques contenant plus d'un million de commentaires toxiques et non toxiques provenant de Wikipedia et d'un service appelé Civil Comments. Les commentaires ont été classés selon leur toxicité par des annotateurs, avec une étiquette « Très toxique » indiquant « un commentaire très haineux, agressif ou irrespectueux qui vous fera très vraisemblablement quitter une discussion ou renoncer à partager votre point de vue », et une étiquette « Toxique » signifiant « un commentaire grossier, irrespectueux ou déraisonnable qui est assez susceptible de vous faire quitter une discussion ou de renoncer à partager votre point de vue ». Certains commentaires ont été vus par beaucoup plus de dix annotateurs (jusqu'à des milliers), en raison de l'échantillonnage et des stratégies utilisées pour renforcer la précision des évaluateurs.

L'objectif du premier défi Jigsaw était de construire un modèle de classification des commentaires toxiques avec des étiquettes

© Matyo

telles que « toxique », « gravement toxique », « menace », « insulte », « obscène » et « haine identitaire ». Les deuxième et troisième défis se sont concentrés sur des aspects plus spécifiques : minimiser les biais involontaires concernant les mentions identitaires et ceux dus au fait que les modèles multilingues sont entraînés avec des données en anglais uniquement.

Bien que les défis aient conduit à des moyens astucieux d'améliorer les modèles de langage toxiques, notre équipe chez Unitary, une société d'IA modératrice de contenus, a constaté qu'aucun des modèles entraînés n'avait été rendu public.

Il reste encore beaucoup de chemin à parcourir avant que les modèles puissent saisir le sens réel, nuancé, de notre langue

C'est pourquoi nous avons décidé de nous inspirer des meilleures solutons de Kaggle et d'entraîner nos propres algorithmes dans l'intention de les rendre publics. Pour ce faire, nous nous sommes appuyés sur des modèles existants de traitement du langage naturel, comme le BERT de Google. Beaucoup de ces modèles ont leur code source libre d'accès.

C'est ainsi que notre équipe a créé Detoxify, une bibliothèque d'algorithmes de détection des commentaires, ouverte et conviviale, pour repérer les textes inappropriés ou préjudiciables en ligne. Son utilisation est destinée à aider les chercheurs et les praticiens à identifier les commentaires potentiellement toxiques.

Dans le cadre de cette bibliothèque, nous avons publié trois modèles différents correspondant à chacun des trois défis du Jigsaw. Alors que les meilleures solutions de Kaggle pour chaque défi utilisent des ensembles de modèles, qui font la moyenne des scores de plusieurs modèles entraînés, nous avons obtenu une performance similaire avec un seul modèle par défi. Chaque modèle est facilement accessible en une seule ligne de programme et tous les modèles et le programme d'apprentissage sont disponibles publiquement sur GitHub.

Bien que ces modèles soient performants dans de nombreux cas, il est important de noter également leurs limites. Tout d'abord, ces modèles fonctionneront bien sur des exemples similaires aux données sur lesquelles ils ont été formés, mais ils risquent d'échouer s'ils sont confrontés à des exemples peu familiers de langage toxique. Nous encourageons les développeurs à affiner ces modèles sur des ensembles de données représentatifs de leur cas d'utilisation.

De plus, nous avons remarqué que l'inclusion d'insultes ou de blasphèmes dans un commentaire textuel entraînera presque toujours un score de toxicité élevé, indépendamment de l'intention ou du ton de l'auteur. Par exemple, la phrase « Je suis fatigué d'écrire cet essai stupide » donnera un score de toxicité de 99,7 %, tandis que la suppression du mot « stupide » fera passer le score à 0,05 %.

Enfin, malgré le fait qu'un des modèles publiés a été spécifiquement formé pour limiter les biais involontaires, les trois modèles sont toujours susceptibles de présenter certains biais, ce qui peut poser des problèmes éthiques lorsqu'on les utilise pour modérer des contenus.

Bien que des progrès considérables aient été accomplis en matière de détection automatique des propos toxiques, nous avons encore beaucoup de chemin à parcourir avant que les modèles puissent saisir le sens réel, nuancé, de notre langue – au-delà de la simple mémorisation de mots particuliers ou de phrases particulières.

Bien sûr, investir dans des ensembles de données plus représentatifs et de meilleure qualité, pour l'apprentissage des systèmes d'intelligence artificielle, permettrait des améliorations progressives. Mais nous devons aller plus loin et commencer à interpréter les données dans leur contexte, un élément crucial pour comprendre le comportement en ligne. Un texte apparemment anodin publié sur les réseaux sociaux, mais accompagné d'un symbolisme raciste dans une image ou une vidéo, passerait facilement inaperçu si nous ne regardions que le texte. Il est bien connu qu'en ignorant ou en négligeant le contexte, nous commettons facilement des erreurs de jugement. Pour que l'intelligence artificielle remplace à grande échelle les humains dans la modération des contenus échangés sur les réseaux sociaux, il est impératif que nous donnions à nos modèles une image complète de ces contenus.

LAURA HANU[1], JAMES THEWLIS[2] et SASHA HAGO[3]
[1]ingénieure en vision par ordinateur dans la société britannique Unitary
[2]docteur en vision par ordinateur, cofondateur et directeur technique de Unitary
[3]docteure en physique théorique, cofondatrice et PDG de Unitary

SUR LE WEB
Site de la société Unitary:
https://www.unitary.ai/
Le projet Conversation AI et son outil Perspective:
https://conversationai.github.io/
https://www.perspectiveapi.com/#/home
La bibliothèque Detoxify:
https://github.com/unitaryai/detoxify

> d'augmenter la prescription de médicaments génériques et réduire la prescription d'opioïdes.

Les *nudges* peuvent encourager des comportements ayant des effets à long terme pour l'individu ou la société. Par exemple, avant 1976, en France, l'individu devait déclarer explicitement son consentement à faire don, après sa mort, de ses organes à la médecine ; cette règle a été modifiée et le consentement est désormais le choix par défaut. Or une étude de 2003 portant sur plusieurs pays et réalisée par Eric Johnson et Daniel Goldstein, de l'université Columbia, a montré que lorsque le consentement est le choix par défaut, le pourcentage effectif de donneurs d'organes est notablement supérieur : il est presque le double.

QUAND LE « NUDGE » DEVIENT NUMÉRIQUE

Le concept de *nudge* s'intègre naturellement à l'informatique affective. Ce domaine regroupe des technologies d'intelligence artificielle comme la détection par les robots (qu'ils soient matériels ou purement logiciels) des émotions de l'interlocuteur humain, la génération d'émotions chez celui-ci, la modulation des décisions du robot à partir des informations d'ordre affectif détectées dans le comportement humain... Dans ce contexte des techniques d'intelligence artificielle, les *nudges* vont renforcer les pouvoirs d'incitation. On peut les déployer dans des bots pour orienter subrepticement les choix des individus en exploitant nos biais cognitifs tels que le biais de confirmation (tendance à privilégier les informations qui confirment nos idées préconçues), le biais de conformisme (tendance à penser et agir comme la majorité), le biais d'ancrage (qui pousse à se fier à l'information reçue en premier dans une prise de décision), le biais d'autorité (tendance à estimer plus juste l'opinion d'une figure d'autorité), etc.

Les *nudges* peuvent être utilisés dans le monde numérique à bon escient comme à mauvais escient. Ils pourraient notamment jouer un rôle positif dans la lutte contre la désinformation. Par exemple, la sensibilisation des internautes à l'existence des *nudges* numériques permettrait de leur faire prendre conscience des biais cognitifs auxquels ils sont soumis lorsqu'ils réagissent de façon quotidienne sur les réseaux sociaux en propageant des informations non vérifiées. On pourrait ainsi se servir de *nudges* pour contrebalancer certaines opinions radicales, dans un objectif pédagogique : faire comprendre les manipulations et renforcer l'esprit critique, lequel se distingue de l'opinion par le questionnement, l'argumentation, l'approche contradictoire et le souci d'approcher une certaine vérité.

L'utilisation de *nudges* à travers des bots pour influencer le comportement des internautes s'est développée ces dernières années. >

> Il peut s'agir de *nudges* malveillants, que Richard Thaler appelle *sludges* (littéralement « boues », en anglais). L'un des défis consiste à évaluer la menace qu'ils représentent. Ainsi, le projet *Bad Nudge-Bad Robot* que je dirige au CNRS à l'université Paris-Saclay vise à mettre en évidence le danger des techniques de *nudging* pour les personnes vulnérables telles que les enfants ou les personnes âgées.

Ce projet entre dans le cadre de la chaire d'intelligence artificielle HUMAAINE (Human-Machine Affective Interaction & Ethics, https://humaaine-chaireia.fr/) au CNRS, qui repose sur une forte collaboration interdisciplinaire entre l'informatique affective et la robotique émotionnelle, l'économie comportementale, la linguistique et le traitement du langage naturel. Ce groupe de recherche a pour objectif d'étudier le comportement des agents conversationnels, ou « chatbots », dans leurs interactions avec des interlocuteurs humains, afin d'évaluer l'influence potentielle des *nudges* sur les humains.

Par exemple, en 2019, dans une expérience réalisée dans une école primaire, nous avons montré que les *nudges* des machines (robots, chatbots) étaient plus efficaces que les *nudges* d'humains dans un jeu du dictateur. Dans cette expérience, la machine ou l'humain donne le même nombre de billes à chaque enfant. La première question posée à l'enfant est combien il en garde pour lui et combien il en donne aux autres enfants. La deuxième question est un *nudge* pour le faire changer d'avis, par exemple en lui disant que les autres en donnent plus (ce qui active le biais de conformisme). Plus les enfants étaient jeunes, plus ils étaient facilement manipulés par les machines. Cet exemple met en lumière le fort potentiel d'incitation associé à des bots capables de déployer un *nudge*. À n'en pas douter, de tels bots accroîtront les moyens de manipulation sur le web.

L'intelligence artificielle fournit ainsi des armes diverses, les unes permettant de traquer les propos haineux et repérer les trolls et les bots, les autres de propager des fausses informations et de manipuler les internautes, notamment grâce aux *nudges*. Ceux-ci sont aussi susceptibles d'être utilisés de façon positive. Imaginons par exemple qu'à la fin de chaque mois on vous attribue des points en fonction de la qualité de ce que vous avez tweeté, et que vous puissiez comparer avec vos amis ou vos collègues. Cela constituerait un *nudge* qui vous inciterait à moins relayer des informations non vérifiées et peut-être à adopter des pratiques plus respectueuses des autres.

L'utilisation de l'intelligence artificielle pour combattre la désinformation et la manipulation sur internet n'en est certainement qu'à ses débuts. Un autre aspect de cette lutte que l'on n'a pas évoqué ici porte sur l'équité et la transparence des systèmes d'intelligence artificielle, questions éthiques qui suscitent depuis quelques années un fort intérêt de la communauté scientifique.

UN JEU PERMANENT DU CHAT ET DE LA SOURIS

Lutter contre la désinformation à l'aide des techniques de l'intelligence artificielle est un défi permanent, un jeu du chat et de la souris où il faudra sans cesse améliorer les algorithmes pour garder une longueur d'avance. Mais, à l'évidence, se doter de tels outils pour traquer les fausses informations, les propos toxiques ou les bots malveillants ne suffit pas.

Pour protéger les citoyens et les démocraties, il est en effet nécessaire de réguler la jungle que constitue le web avec des lois et des garde-fous éthiques. Le silence de la grande majorité des ingénieurs des plateformes œuvrant sur la Toile, telles que Google, Facebook ou Twitter, est assourdissant, alors même que les techniques qu'ils mettent en œuvre façonnent la société de demain. Par ailleurs, il n'est pas souhaitable que ces plateformes aient un véritable pouvoir de censure.

La régulation des plateformes du web est assurément une question difficile, mais aussi cruciale pour l'avenir de nos sociétés. Elle suscite aujourd'hui de nombreuses réflexions. Notamment, le Comité national pilote d'éthique du numérique a publié en juillet 2020 un document portant sur les enjeux dans la lutte contre la désinformation et la mésinformation et qui identifie les tensions éthiques relatives à la mise en œuvre, par les plateformes, d'outils de modération de contenus et aux mécanismes de lutte contre la désinformation. Il souligne aussi certains questionnements éthiques relatifs à l'autorité acquise par ces plateformes et aux rapports qu'elles entretiennent avec l'État et la justice. En résumé, les innovations de l'intelligence artificielle ne sont pas tout : il est aussi nécessaire de redéfinir la responsabilité des plateformes aux niveaux national et européen, tout en protégeant la liberté d'expression. ■

Le *nudge* le plus célèbre est celui des urinoirs dont le bas est orné d'une image de mouche, qui incite les usagers à viser cette cible et ainsi à maintenir la propreté des toilettes. Ce concept d'incitation/manipulation douce se répand aussi dans le monde numérique.

© Shutterstock.com/Marcel Derweduwen

BIBLIOGRAPHIE

H. Ali Mehenni, L. Devillers *et al.*, **Nudges with conversational agents and social robots : a first experiment with children at a primary school,** *Conversational Dialogue Systems for the Next Decade*, Springer, pp. 257-270, 2021.

L. Devillers, **Les robots émotionnels,** L'Observatoire, 2020.

C. Schneider *et al.*, **Digital nudging : guiding online user choices through interface design,** *Communications of the ACM*, vol. 61(7), pp. 67-73, 2018.

D. Kahneman, **Thinking, Fast and Slow,** Farrar, Straus and Giroux, 2011.

R. H. Thaler et C. R. Sunstein, **Nudge : Improving Decisions About Health, Wealth and Happiness,** Yale University Press, 2008.

OFFRE D'ABONNEMENT 1 AN

ABONNEZ-VOUS À POUR LA SCIENCE

3 FORMULES AU CHOIX

	FORMULE PAPIER	FORMULE PAPIER + HORS-SÉRIE	FORMULE INTÉGRALE
Le magazine papier 12 numéros par an	✓	✓	✓
Le magazine en version numérique 12 numéros par an			✓
Le hors-série papier 4 numéros par an		✓	✓
Le hors-série en version numérique 4 numéros par an			✓
Accès à pourlascience.fr actus, dossiers, archives depuis 1996			✓
VOTRE TARIF D'ABONNEMENT	**59 €** Au lieu de ~~82,80 €~~	**79 €** Au lieu de ~~114,40 €~~	**99 €** Au lieu de ~~174,40 €~~
	29 % de réduction *	**31 %** de réduction *	**43 %** de réduction *

BULLETIN D'ABONNEMENT

À renvoyer accompagné de votre règlement à :
Service Abonnement Pour la Science – 56 rue du Rocher – 75008 Paris – serviceclients@groupepourlascience.fr

PAG21STD

OUI, je m'abonne pour 1 an à POUR LA SCIENCE

1 / Je choisis ma formule (merci de cocher)

☐ FORMULE **PAPIER** — **59€** Au lieu de ~~82,80€~~
- 12 n° du magazine papier

☐ FORMULE **PAPIER + HORS SÉRIE** — **79€** Au lieu de ~~114,40€~~
- 12 n° du magazine papier
- 4 Hors-série papier

☐ FORMULE **INTÉGRALE** — **99€** Au lieu de ~~174,40€~~
- 12 n° du magazine (papier et numérique)
- 4 Hors-série (papier et numérique)
- Accès illimité aux contenus en ligne

FF-HSPAP-N-12N-79€ - FPAP-N-12N-59€ - FF-IN-N-12N-99€

* Réduction par rapport au prix de vente en kiosque et l'accès aux archives numériques. Durée d'abonnement : 1 an. Délai de livraison : dans le mois suivant l'enregistrement de votre règlement. Offre valable jusqu'au 31/03/2022 en France métropolitaine uniquement. Pour un abonnement à l'étranger, merci de consulter notre site boutique.groupepourlascience.fr. Photos non contractuelles. Vous pouvez acheter séparément les numéros de *Pour la Science* pour 6,90 € et les hors-séries pour 7,90 €.

2 / J'indique mes coordonnées

☐ M. ☐ Mme

Nom : ..... Prénom : .....

Adresse : .....

.....

Code postal |_|_|_|_|_| Ville : .....

Téléphone |_|_|_|_|_|_|_|_|_|_|

Email : (indispensable pour la formule intégrale)

..... @.....

J'accepte de recevoir les offres de Pour la Science ☐ OUI ☐ NON

3 / Je choisis mon mode de règlement

☐ **Par chèque** à l'ordre de *Pour la Science* en nous retournant ce bulletin d'abonnement complété

Pour un paiement par carte bancaire, rendez-vous sur boutique.groupepourlascience.fr

Les informations que nous collectons dans ce bulletin d'abonnement nous aident à personnaliser et à améliorer les services que nous vous proposons. Nous les utiliserons pour gérer votre accès à l'intégralité de nos services, traiter vos commandes et paiements, et vous faire part notamment par newsletters de nos offres commerciales moyennant le respect de vos choix en la matière. Le responsable du traitement est la société *Pour la Science*. Vos données personnelles ne seront pas conservées au-delà de la durée nécessaire à la finalité de leur traitement. *Pour la Science* ne commercialise ni ne loue vos données à caractère personnel à des tiers. Les données collectées sont exclusivement destinées à *Pour la Science*. Nous vous invitons à prendre connaissance de notre charte de protection des données personnelles à l'adresse suivante : https://rebrand.ly/charte-donnees-pls. Conformément à la réglementation applicable (et notamment au Règlement 2016/679/UE dit « RGPD ») vous disposez des droits d'accès, de rectification, d'opposition, d'effacement, à la portabilité et à la limitation de vos données personnelles. Pour exercer ces droits (ou nous poser toute question concernant le traitement de vos données personnelles), vous pouvez nous contacter par courriel à l'adresse protection-donnees@pourlascience.fr.

Groupe Pour la Science - Siège social : 170 bis, boulevard du Montparnasse, CS20012, 75680 Paris CEDEX 14 - Sarl au capital de 32 000€ - RCS Paris B 311 797 393 - Siret : 311 797 393 000 23 - APE 58.14 Z

Réseaux sociaux

Les ressorts de la désinformation

Filippo Menczer et Thomas Hills

Sur les réseaux sociaux d'internet, des robots logiciels se font passer pour des humains. Des modélisations aident à comprendre comment ils nous manipulent en exploitant nos biais cognitifs, tandis que des outils sont développés pour détecter ces faux profils.

+B
¿+¿

L'ESSENTIEL

> La diffusion virale est inhérente à la propagation de l'information sur les réseaux sociaux, du fait de la capacité d'attention limitée des utilisateurs.

> Jusqu'à 15 % des comptes Twitter actifs sont de faux comptes pilotés par des robots logiciels.

> Des outils sont désormais disponibles pour détecter les faux profils et cartographier la diffusion de fausses nouvelles.

LES AUTEURS

FILIPPO MENCZER
professeur d'informatique et directeur de l'Observatoire des médias sociaux de l'université de l'Indiana à Bloomington, aux États-Unis

THOMAS HILLS
professeur de psychologie à l'université de Warwick, en Angleterre

Prenons le cas d'Andy. Inquiet de contracter le Covid-19 et dans l'impossibilité de consulter tout ce qui paraît sur le sujet, il se fie à ses amis pour obtenir des conseils. Lorsqu'il lit sur Facebook que la peur de la pandémie est excessive, il n'y croit pas dans un premier temps. Mais quand l'hôtel où il travaille ferme ses portes et que son emploi est menacé, il commence à s'interroger sur la dangerosité réelle du virus. Après tout, il ne connaît personne qui en est mort. L'un de ses collègues a publié un post accusant les multinationales pharmaceutiques d'orchestrer cette peur avec la complicité de politiciens corrompus. Comme Andy ressent une certaine défiance à l'égard du gouvernement, cette idée lui parle.

En effectuant des recherches sur internet, il tombe sur des articles assurant que le Covid-19 n'est pas plus grave qu'une grippe. Puis il rejoint une communauté en ligne de personnes qui, comme lui, craignent de perdre leur emploi et se demandent si cette pandémie justifie autant de licenciements. Lorsqu'il apprend qu'elles vont participer à une manifestation pour réclamer la fin du confinement, il décide d'y aller. Personne ou presque dans le cortège ne porte de masque. Désormais, Andy est convaincu que le Covid-19 est une vaste escroquerie.

Cet exemple illustre plusieurs de nos biais cognitifs. Ainsi, nous privilégions l'information provenant de personnes en qui nous avons confiance. Ensuite, nous accordons plus d'attention à celle relative aux risques (celui de perdre son emploi, dans le cas d'Andy). Enfin, nous nous intéressons de préférence aux sujets familiers. Ces biais cognitifs sont le fruit de notre évolution. Durant des dizaines de milliers d'années, ils ont été fort utiles. Par exemple, si un congénère signalait des serpents venimeux près d'un étang, ceux qui s'en tenaient éloignés avaient de meilleures chances de survivre.

Mais dans le monde numérique d'aujourd'hui, ces biais nous desservent. Il est devenu si facile de produire et de consulter des posts, des tweets, des vidéos, des blogs, des mèmes, etc., que l'information prolifère. Submergés, nous laissons nos biais cognitifs faire le tri à notre place. Ils agissent comme des raccourcis mentaux et influent sur l'information que nous recevons et partageons. Les logiciels des plateformes en ligne accentuent ces biais. Par exemple, les logiciels des réseaux sociaux ont mis Andy en contact avec des personnes qui partageaient les mêmes idées, ce qui a attisé ses craintes. Il y a pire. Des individus ou des groupes malveillants utilisent des «bots» – des robots logiciels se faisant passer pour des internautes humains – pour profiter de nos vulnérabilités cognitives à des fins politiques ou pécuniaires.

Nos équipes à l'université de Warwick, en Grande-Bretagne, et à l'OSoMe, l'Observatoire des médias sociaux de l'université de l'Indiana à Bloomington, aux États-Unis, mènent des recherches pour mieux cerner nos vulnérabilités cognitives afin de décrypter la façon dont les algorithmes les exploitent. Les modèles informatiques développés dans l'Indiana s'inspirent des études psychologiques menées à Warwick, et vice-versa. Nous développons également des outils pour lutter contre la manipulation sur les médias sociaux.

TROP D'INFORMATIONS NUIT À L'INFORMATION

Dans les années 1970, Herbert Simon, prix Nobel d'économie et pionnier de l'«économie de l'attention», formulait: «Ce que l'information consomme est assez évident: c'est l'attention de ses receveurs. Une abondance d'information crée une rareté de l'attention.» Avec, pour conséquence, une déperdition de la qualité de l'information, comme nos équipes de l'OSoMe l'ont démontré. Le modèle utilisé est le suivant. Les utilisateurs de réseaux sociaux, tel Andy, appelés des «agents»,

Double page précédente : © Cristina Spanò

constituent les nœuds d'un réseau de relations. À chaque étape de la simulation, un agent peut soit créer une publication (un post ou un mème par exemple), soit en partager une qu'il a repérée dans son fil d'informations reçues. Pour rendre compte de la capacité d'attention limitée des utilisateurs, les agents ne peuvent voir qu'un certain nombre d'éléments en haut de leur fil d'informations.

Nous avons mis en évidence dès 2012 qu'à mesure que l'attention des agents devient plus limitée, la propagation des publications suit une loi de puissance: la probabilité qu'un post soit partagé un nombre donné de fois varie à peu près comme une puissance inverse de ce nombre. Par exemple, la probabilité qu'un post soit partagé trois fois est environ neuf fois inférieure à celle qu'il soit partagé une fois. Cela signifie qu'un petit nombre de publications est largement diffusé, tandis que la plupart sont à peine vues.

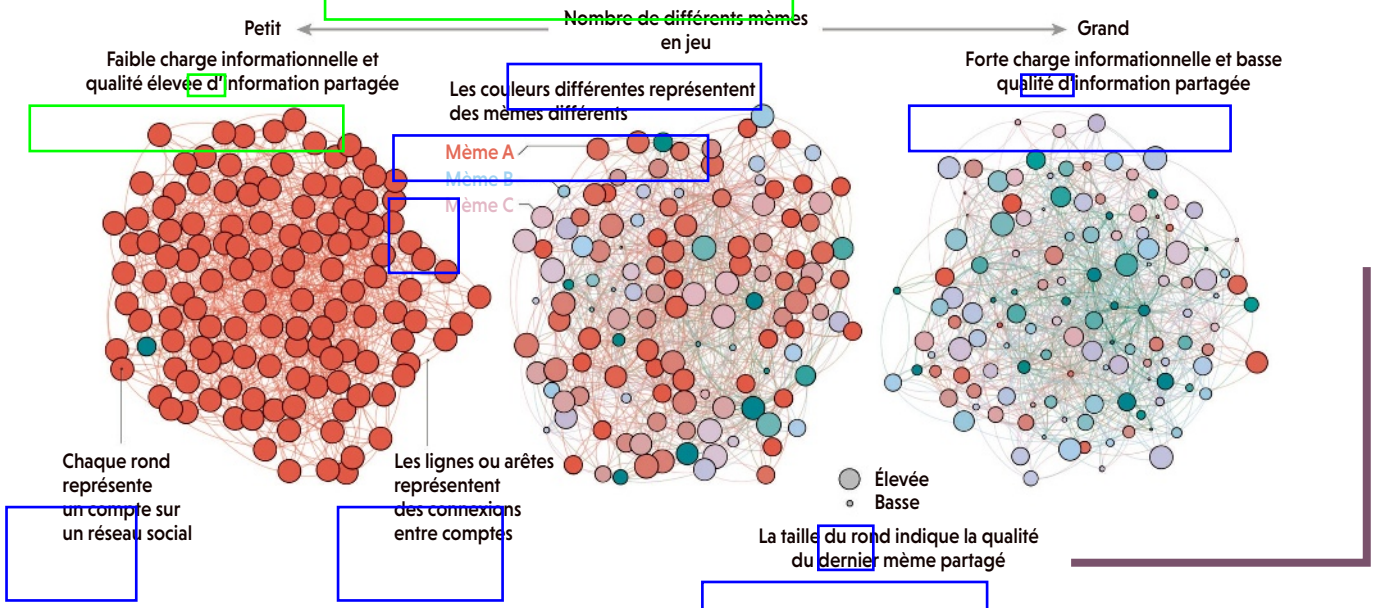
Précisons que, dans ce modèle, les posts n'ont aucune valeur intrinsèque. Ce résultat ne s'explique donc pas par le fait que certains seraient plus accrocheurs ou plus importants que les autres. Il découle uniquement de la statistique de diffusion de l'information dans un réseau social composé d'agents ayant une attention limitée. Même quand nous attribuons aux posts des qualités variables et que les agents partagent de préférence des posts de bonne qualité, la qualité moyenne des posts les plus diffusés est peu améliorée, comme cela a été montré en 2017. Ainsi, quand bien même nous souhaitons partager des informations de qualité, nous sommes inévitablement amenés à en relayer de moins fiables, voire qui sont fausses.

Nos biais cognitifs également contribuent à la dégradation de la qualité de l'information. Dans une expérience menée en 1932, Frederic Bartlett, chercheur britannique en psychologie cognitive, avait relaté une légende amérindienne aux participants. Puis il avait demandé à chacun de la raconter à son tour, à des intervalles de plus en plus longs après la narration – de quelques minutes à quelques années. Il a observé qu'à mesure que le temps passait, soit les participants omettaient les parties de l'histoire les plus exotiques, soit ils les transformaient pour les rendre plus familières. Nos esprits agissent souvent de la sorte. C'est ce que l'on appelle le «biais de confirmation»: nous recherchons les informations qui confirment le mieux ce que nous croyons déjà.

Ce biais de confirmation est puissant. Ainsi, des individus d'avis opposés, soumis à des informations identiques et impartiales, y puisent les preuves de ce qu'ils croient déjà, d'autant plus lorsqu'il s'agit de sujets à forte charge émotionnelle, tels que la question du changement climatique. >

SURCHARGE D'INFORMATIONS

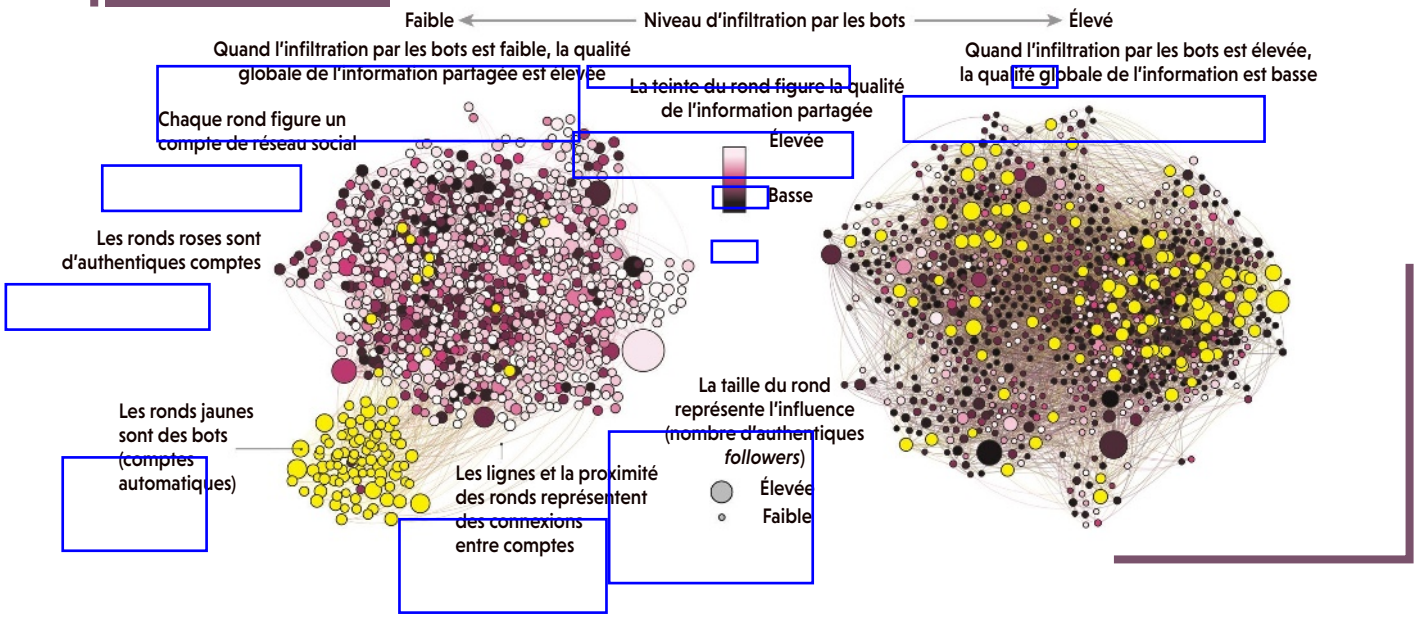
Les fils d'actualité sur les médias sociaux débordent d'informations. Les utilisateurs ne peuvent en voir que quelques-unes. Les chercheurs de l'OSoMe (Observatoire des médias sociaux de l'université de l'Indiana) ont simulé l'effet de cette capacité d'attention limitée. Chaque nœud du graphe représente un utilisateur, et les arêtes ses relations avec les utilisateurs avec qui il partage des informations. Plus le nombre d'informations (mèmes ou posts) augmente *(vers la droite)*, plus la qualité de celles qui se diffusent largement diminue *(les ronds deviennent plus petits)*. Ainsi, la prolifération des informations conduit, à elle seule, à une dégradation de la qualité. Ce modèle montre aussi comment de fausses nouvelles peuvent devenir virales.



© Filippo Menczer, d'après Xiaoyan Qiu et al., Nature Human Behaviour, vol. 1, article 0132, juin 2017

POLLUTION PAR LES BOTS

Les chercheurs de l'OSoMe ont conçu un modèle où des bots – des comptes automatisés qui se font passer pour des utilisateurs humains – tweetent uniquement des posts de qualité nulle et ne se retweetent que les uns les autres. Ils ont constaté que lorsque moins de 1 % des utilisateurs humains suivent les bots, la qualité de l'information est élevée *(à gauche)*. Mais lorsque le pourcentage d'infiltration du réseau par des bots augmente, les informations de mauvaise qualité se propagent *(à droite)*. Dans les réseaux sociaux réels, il suffit de quelques votes positifs de bots pour qu'une fausse information devienne virale.



> Les moteurs de recherche et les plateformes des réseaux sociaux fonctionnent selon des algorithmes qui exploitent le biais de confirmation. Ils puisent dans les gigantesques bases de données sur les préférences des utilisateurs de quoi établir des recommandations personnalisées et mettre en avant dans les fils d'actualité les informations les plus susceptibles de leur plaire, quelle que soit leur qualité.

Dans une étude portant sur Twitter lors de la campagne présidentielle américaine de 2016, Nir Grinberg et ses collègues de l'université Northeastern, aux États-Unis, ont montré en 2019 que les fausses informations avaient représenté près de 6 % des informations totales. D'après notre étude menée sur 656 participants et publiée en 2020, la vulnérabilité à la désinformation se retrouve, aux États-Unis, autant chez les conservateurs que chez les libéraux. En éloignant les utilisateurs de toute information susceptible de les faire changer d'avis, les réseaux sociaux accentuent les phénomènes de polarisation.

MOUTONS DE PANURGE

En août 2019, dans une rue de New York, des personnes ont commencé à fuir en croyant entendre des coups de feu. D'autres ont suivi, certains criant : « Un tireur ! » En réalité, ce n'étaient que les pétarades d'une moto. Dans ce genre de situation, il vaut mieux courir d'abord et se poser des questions ensuite. Et notre cerveau réagit en suivant la foule, comme le font les poissons en banc et les oiseaux en vol.

La conformité sociale est omniprésente. Par exemple, vers 2005, Matthew Salganik, de l'université Columbia, aux États-Unis, et deux collègues ont mené une expérience auprès de 14 341 volontaires, invités à télécharger des chansons inédites. Ils ont observé que, lorsque les participants savaient quelles musiques avaient été téléchargées par les autres, ils avaient tendance à télécharger les mêmes. Quand ils étaient isolés en groupes et ne connaissaient que les téléchargements des membres de leur groupe, les choix des morceaux les plus téléchargés différaient rapidement entre les différents groupes. En revanche, on n'observait pas une telle divergence des choix d'un groupe à l'autre lorsque personne ne connaissait les préférences des autres. Les groupes sociaux créent donc une pression en faveur de la conformité si forte qu'elle peut se supplanter aux préférences individuelles. En amplifiant des différences initiales aléatoires, elle peut faire radicalement diverger les choix de différents groupes.

La conformité sociale imprègne les médias sociaux. En 2017, d'après des expériences menées sur Twitter, Bjarke Mønsted et ses collègues, de l'université technique du Danemark et de l'université de Californie du Sud, ont mis

© Filippo Menczer, d'après Xiaoyan Qiu et al., Nature Human Behaviour, vol. 1, article 0132, juin 2017

en évidence que, lorsque nous sommes exposés de façon répétée à une idée, provenant généralement de plusieurs sources, nous sommes davantage susceptibles de la faire nôtre puis de la partager. Comme si nous confondions popularité et qualité, nous finissons par faire comme les autres. Ce biais social est amplifié par le biais cognitif appelé «effet de simple exposition», décrit par le psychologue américain Robert Zajonc en 1968, qui fait que l'on apprécie davantage ce à quoi on est soumis de façon récurrente, par exemple certains visages.

Ces biais nous conduisent à penser que «si tout le monde en parle, c'est que cela doit être important» et expliquent l'irrépressible attention que nous portons aux informations virales. Non seulement les réseaux sociaux tels que Facebook, Twitter, YouTube et Instagram nous montrent ce qui va dans le sens de nos idées, mais ils placent également les contenus les plus populaires en haut des fils d'informations, en indiquant combien de personnes les ont aimés et partagés, alors que ces chiffres ne garantissent en aucun cas la qualité du contenu.

En analysant des données réelles et anonymes, nous avons montré que toutes les plateformes – réseaux sociaux, moteurs de recherche et sites d'information – mettent en avant des informations qui ne proviennent en réalité que d'un très faible nombre de sources, particulièrement populaires.

Ces biais cognitifs nous conduisent à penser que «si tout le monde en parle, c'est que cela doit être important»

Nous avons étudié la façon dont les plateformes classent les informations dans les fils d'actualité. Dans notre modèle, elles combinent des indicateurs de qualité et de popularité; les agents, dotés d'une attention limitée, sont enclins à cliquer sur les publications classées dans les rangs les plus élevés. Chaque post a une qualité intrinsèque ainsi qu'un niveau de popularité déterminé par le nombre de clics. Une autre variable permet d'évaluer dans quelle mesure le classement repose sur la popularité plutôt que sur la qualité.

D'après les simulations et en l'absence de tout biais cognitif humain, le biais algorithmique suffit à réduire la qualité des posts. Ainsi, quand bien même nous voudrions partager les informations les plus riches, les algorithmes finissent par nous induire en erreur.

DES CHAMBRES D'ÉCHO

Nous n'avons pas conscience d'agir en moutons de Panurge. Pourtant, le biais cognitif de confirmation nous pousse à l'homophilie, la tendance à nous affilier à nos semblables. Il est si facile sur les médias sociaux de s'abonner à un compte, de s'en désabonner, de devenir «ami», etc., bref, de modifier la structure de ses réseaux de relations, que les utilisateurs se divisent en communautés appelées «chambres d'écho».

Nous avons exploré l'émergence de ces chambres d'écho. Dans notre modèle, appelé Echo-Demo, les agents ont une opinion politique représentée par un nombre allant de −1 (libéral, par exemple) à +1 (conservateur). Ils émettent des posts reflétant leur sensibilité politique. Par ailleurs, ils sont influencés par les opinions exprimées dans leur fil d'informations. Ils peuvent également choisir de cesser de suivre des utilisateurs manifestant des avis différents des leurs.

Au début de la simulation, les réseaux et les opinions sont distribués de façon aléatoire. À la fin, des communautés distinctes et polarisées sont apparues. En pratique, les chambres d'écho politiques sur Twitter sont telles qu'il est possible de prévoir la sensibilité politique d'un internaute avec une grande précision: il a les mêmes opinions que la majorité de ses connexions.

Cette structure en chambres d'écho favorise la diffusion de l'information au sein d'une communauté tout en l'isolant des autres. En 2014, une campagne de désinformation a accusé notre laboratoire de faire partie d'une machination politique visant à supprimer la liberté d'expression. Cette allégation s'est diffusée de façon virale, en majorité dans la chambre d'écho conservatrice, alors que les articles rédigés par des vérificateurs d'informations circulaient essentiellement dans la communauté libérale. C'est malheureusement souvent le cas: les informations fausses se trouvent dissociées de leurs démentis et circulent dans des chambres d'écho différentes.

En 2018, nous avons également montré que les médias sociaux accroissent la négativité. Dans notre expérience, un premier participant lisait des articles contenant autant d'informations positives que négatives et qui présentaient de façon impartiale les avantages et les inconvénients de l'énergie nucléaire, par exemple, ou des additifs alimentaires. Ce participant devait ensuite exposer ce qu'il avait >

> retenu à un deuxième, qui en parlait au troisième, et ainsi de suite. À mesure de leur transmission le long de cette « chaîne de diffusion sociale », nous avons constaté que la quantité d'informations négatives augmentait (phénomène dit d'« amplification sociale du risque »).

Enfin, nous avons fourni à tous les participants les articles originels. Mais cela n'a aucunement contribué à modifier les points de vue négatifs. Ainsi, à mesure qu'elle se transmet d'un individu à un autre, l'information devient non seulement de plus en plus négative, mais aussi de plus en plus prégnante, résistante à la remise en cause.

L'émotion joue un rôle majeur dans la diffusion de l'information. En 2015, en analysant des données sur Twitter concernant la « contagion émotionnelle », les chercheurs de l'OSoMe ont montré que les personnes surexposées à des contenus négatifs tendent à partager des posts négatifs, tandis que ceux surexposés à des contenus positifs partagent davantage les informations positives. Or, comme nous l'avons vu, les contenus négatifs se diffusent plus facilement que les contenus positifs. Dès lors, il est aisé de manipuler les émotions en lançant sur les réseaux sociaux des récits qui suscitent la peur ou l'anxiété.

C'est loin d'être une vue de l'esprit. Emilio Ferrara, de l'université de Californie du Sud, et ses collègues de la fondation Bruno-Kessler, en Italie, ont montré que, durant le référendum sur l'indépendance de la Catalogne en 2017, en Espagne, des robots sociaux ont été utilisés pour retweeter des récits violents et incendiaires, exacerbant ainsi le conflit social.

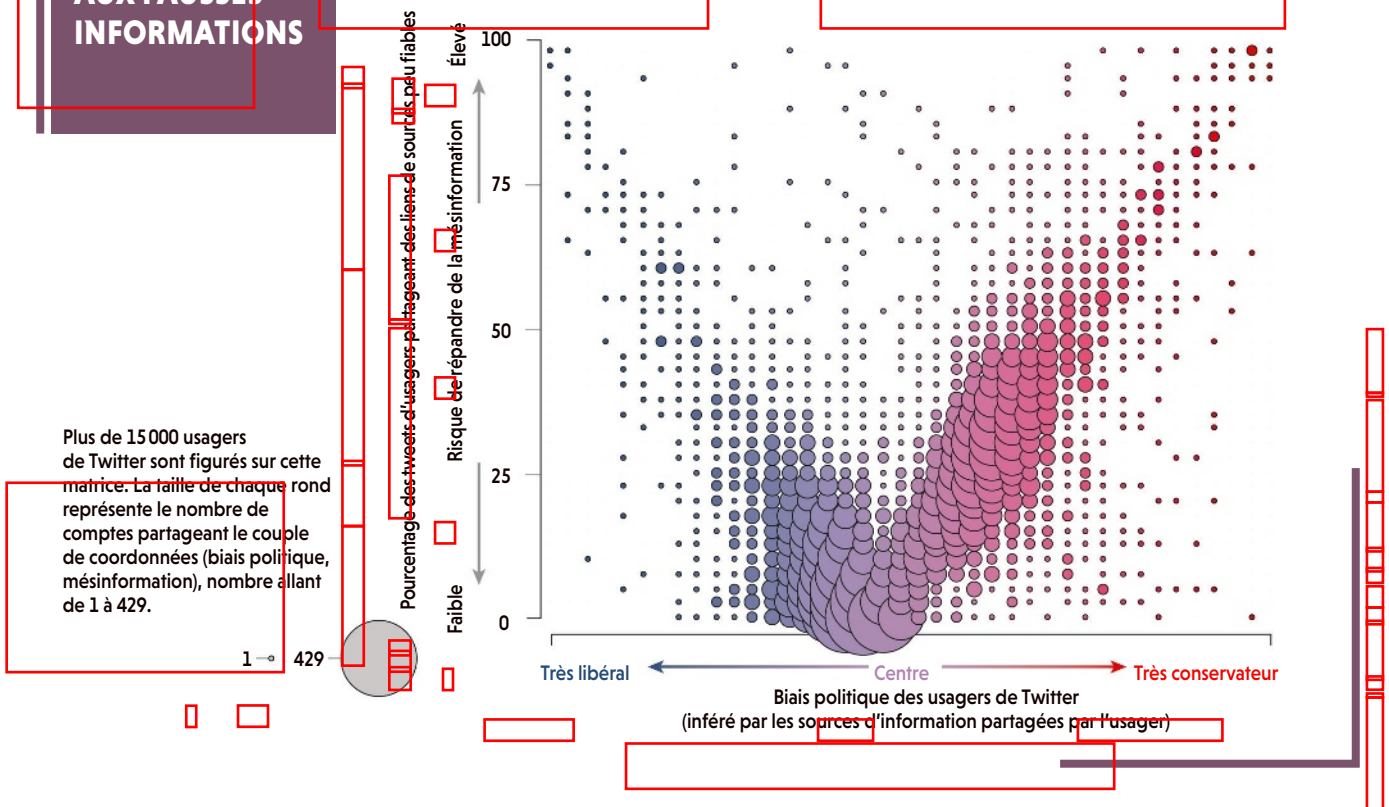
L'ASCENSION DES BOTS

Les bots sont simples à créer. Les médias sociaux fournissent des interfaces de programmation (API) qui permettent à quiconque d'installer assez facilement et de contrôler des milliers de bots. Or il suffit que quelques bots émettent des avis favorables lors de la publication d'un message pour que cela ait un impact considérable sur sa diffusion et sa popularité ultérieures.

À l'OSoMe, nous avons développé des algorithmes pour détecter ces bots. L'un d'eux, Botometer, est un outil public qui extrait 1 200 caractéristiques (profil, relations, langue, etc.) d'un compte Twitter. Il les compare à celles recueillies sur des dizaines de milliers de comptes précédemment identifiés comme bots, afin d'attribuer au compte Twitter une note indiquant sa probabilité d'être un faux profil robotique.

VULNÉRABILITÉ AUX FAUSSES INFORMATIONS

D'après une étude menée sur des utilisateurs de Twitter (résidant aux États-Unis) selon leurs penchants politiques, les libéraux autant que les conservateurs finissent par partager des informations provenant de sites douteux (jugés ainsi par des vérificateurs indépendants). Toutefois, les utilisateurs à penchant conservateur sont un peu plus susceptibles de partager de fausses nouvelles.



© Jen Christiansen, d'après Dimitar Nikolov et Filippo Menczer (données)

En pratique, nous avons estimé en 2017 que près de 15% des comptes Twitter actifs étaient des bots, et qu'ils avaient joué un rôle clé dans la diffusion de la désinformation durant la campagne présidentielle américaine de 2016. Dans les secondes qui suivaient la publication d'une fausse nouvelle – par exemple l'implication d'Hillary Clinton dans des rituels occultes –, cette «information» était retweetée par de nombreux bots, puis par des humains, séduits par l'apparente popularité du tweet.

Il suffit à un bot de suivre un compte, de cliquer sur des boutons «J'aime» ou de retweeter des posts pour infiltrer une communauté en ligne et influencer ses membres. Dans un modèle conçu à l'OSoMe, les agents sont des bots qui produisent des posts de qualité médiocre, de type «pièges à clics», et ne se retweetent que les uns les autres. Le modèle prend aussi en compte des agents authentiques, susceptibles de suivre ces bots.

Nous avons montré qu'en infiltrant seulement une petite fraction du réseau, ces bots peuvent réduire à néant la qualité de l'information du réseau entier. En suggérant aux agents authentiques de suivre d'autres comptes automatisés (technique dite de «follow trains»), ils accélèrent également la formation de chambres d'écho.

Certains manipulateurs agissent dans deux camps opposés, à des fins de polarisation politique ou pour gagner de l'argent. Nous avons ainsi démasqué un réseau de faux profils sur Twitter, tous coordonnés par une même entité. Certains affichaient leur soutien à la campagne en faveur de Donald Trump, tandis que d'autres se posaient en anti-Trump. Tous faisaient appel aux dons...

FREINER LA MANIPULATION EN LIGNE

En comprenant mieux nos biais cognitifs et la façon dont les bots les exploitent, nous pouvons nous protéger des manipulations. Notre laboratoire a mis au point des outils pour ce faire, par exemple Fakey, une application dont l'objectif est d'apprendre à repérer les fausses informations. Il s'agit d'un jeu qui simule le fil d'actualité d'un réseau social, affichant des articles réels issus de sources plus ou moins fiables. Les utilisateurs doivent décider lesquels vérifier, partager, etc. Notre analyse des données de Fakey confirme le comportement grégaire des utilisateurs: peu importe la crédibilité des informations, ils partagent plus facilement celles qu'ils croient largement diffusées.

Un autre outil, Hoaxy, également public, montre comment un post se répand sur Twitter. Les nœuds représentent des comptes Twitter réels et les arêtes qui les connectent indiquent la propagation du tweet de compte en compte. Chaque nœud a une couleur représentative du score qu'il a obtenu à Botometer, ce qui permet aux utilisateurs de vérifier si des bots interviennent dans la diffusion. Des journalistes ont déjà utilisé ces outils pour rechercher les origines de campagnes de désinformation et repérer des opérations menées par des bots, comme celle visant à dissuader des électeurs de voter lors des élections de mi-mandat de 2018 aux États-Unis. Cependant, les manipulations sont de plus en plus difficiles à détecter, car les algorithmes deviennent très performants dans leur imitation du comportement humain.

Pour repérer des campagnes de désinformation lancées, par exemple, pour détourner l'attention du public, nous avons développé un outil appelé BotSlayer. Il suit les tweets, extrait des hashtags, évalue la probabilité des comptes d'être de faux profils, afin de signaler des thèmes qui se diffusent rapidement suspectés d'être amplifiés par des bots ou des comptes coordonnés. L'objectif est de permettre aux journalistes, aux associations et aux candidats politiques de repérer et de suivre en temps réel les campagnes d'influence insidieuse.

Ces outils sont utiles mais restent insuffisants pour limiter la prolifération de fausses nouvelles. L'éducation est certes un atout, mais elle ne peut aborder tous les sujets sur lesquels les gens sont susceptibles d'être bernés. Certains gouvernements et médias sociaux veulent agir pour réprimer la désinformation en ligne. Mais qui établit ce qui est faux, manipulatoire et ce qui ne l'est pas? On pourrait accompagner certaines publications de messages d'avertissements, comme Facebook et Twitter ont commencé à le faire. Mais peut-on faire confiance aux personnes qui les émettent? En outre, le risque de nuire à la liberté d'expression existe. La portée mondiale de certains médias sociaux et leurs liens avec les gouvernements compliquent encore les choses.

Pour combattre la désinformation, une solution serait de rendre la création et le partage de l'information plus difficiles. Pour cela, il faudrait que l'accès à l'information ait un coût, par exemple en temps, en travail mental (faire un puzzle) ou en argent (en facturant des frais minimes). Certaines plateformes utilisent déjà les captchas ou la confirmation téléphonique comme sésames pour accéder aux comptes. Ces efforts pourraient être étendus afin de remplacer les incitations au partage à tout-va par des informations véritablement enrichissantes.

L'information prétendue gratuite ne l'est jamais réellement. En diminuant son coût, nous avons diminué sa valeur et ouvert la porte à sa falsification. Pour restaurer la santé de notre écosystème de l'information, nous devons restaurer une économie de l'information saine, qui nous protège des manipulations. ■

BIBLIOGRAPHIE

G. Bronner, **Apocalypse cognitive**, PUF, 2021.

H. Y. Yan *et al.*, **Asymmetrical perceptions of partisan political bots**, *New Media & Society*, publié en ligne le 16 juillet 2020.

N. Grinberg *et al.*, **Fake news on Twitter during the 2016 U.S. presidential election**, *Science*, vol. 363, pp. 374-378, 2019.

D. Robert *et al.*, **Bad news has wings : dread risk mediates social amplification in risk communication**, *Risk Analysis*, vol. 38, pp. 2193-2207, 2018.

X. Qiu *et al.*, **Limited individual attention and online virality of low-quality information**, *Nature Human Behaviour*, vol. 1, article 0132, 2017.

B. Mønsted *et al.*, **Evidence of complex contagion of information in social media : an experiment using Twitter bots**, *Plos One*, vol. 12(9), article e0184148, 2017.

QUELQUES OUTILS

Modèle EchoDemo : https://osome.iuni.iu.edu/demos/echo

Botometer : https://botometer.osome.iu.edu

Fakey : https://fakey.iuni.iu.edu

Hoaxy : https://hoaxy.osome.iu.edu

BotSlayer : https://osome.iuni.iu.edu/tools/botslayer

L'ESSENTIEL

> À une certaine échelle de description, le proton est une particule que l'on peut voir comme constituée de trois quarks.

> Une image plus précise inclut aussi une « mer » où se créent et s'annihilent aussitôt des paires quark-antiquark.

> Cette mer joue un rôle prépondérant dans les propriétés du proton. Mais ses caractéristiques, notamment les parts des différents types d'antiquarks, sont mal connues.

> Une nouvelle expérience vient de préciser la part des antiquarks *u* et *d* dans cette mer.

L'AUTEUR

SEAN BAILLY
journaliste à *Pour la Science* et docteur en physique

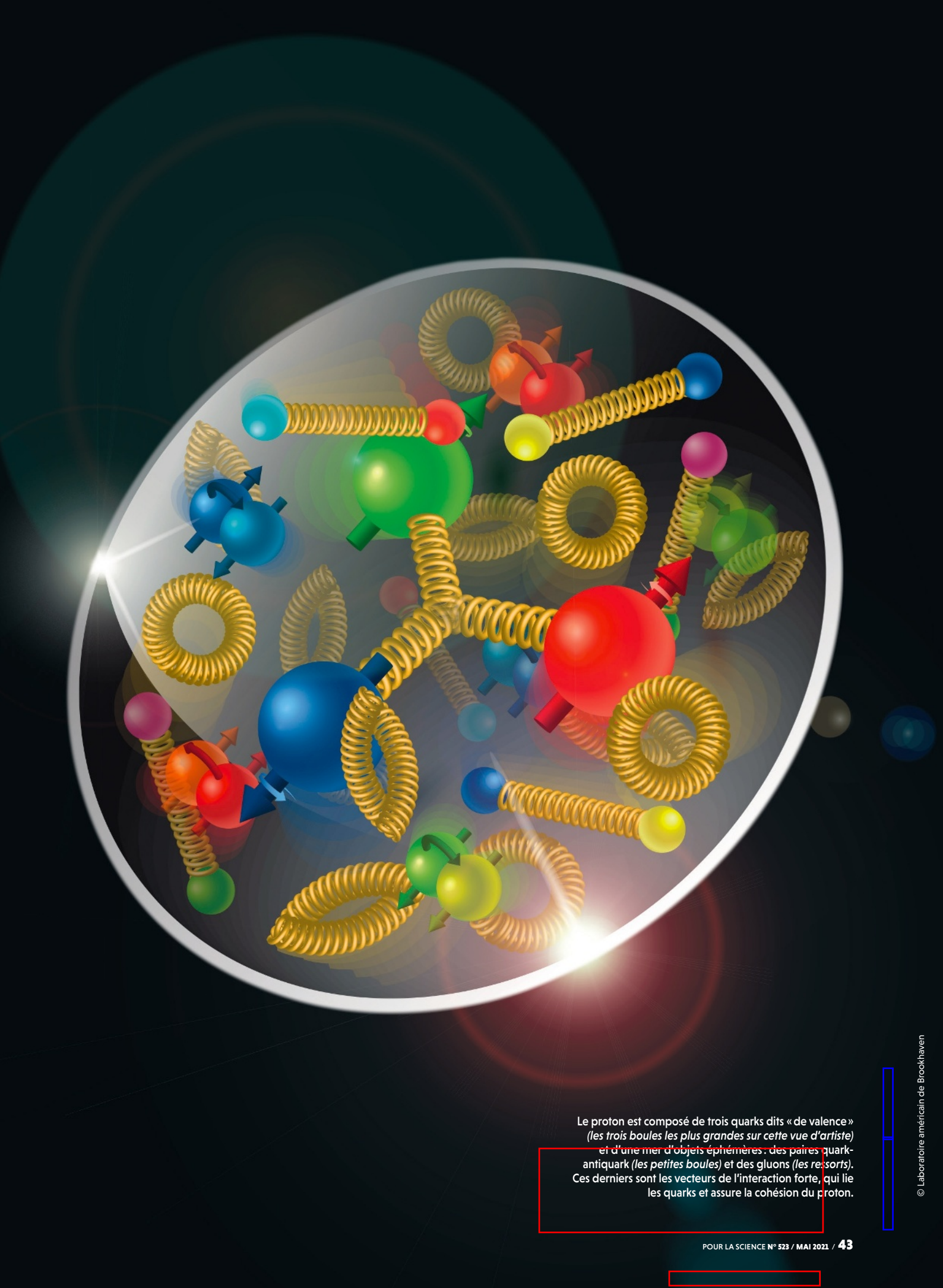
Asymétrie chez les antiquarks du proton

Au sein du proton, une « mer » de paires particule-antiparticule éphémères s'agite. Mais les différents types de ces composants n'y sont pas représentés à parts égales, comme vient de le confirmer une nouvelle expérience.

Le proton est l'une des briques essentielles de la matière. Avec le neutron, il compose le noyau des atomes. À ce titre, cette particule de charge électrique positive a été étudiée sous toutes les coutures et on l'utilise au LHC (Large Hadron Collider), le grand accélérateur de particules du Cern, près de Genève, pour réaliser des collisions proton-proton à très haute énergie et sonder les lois de la physique. On exploite aussi les protons dans le domaine médical pour traiter des tumeurs.

Pourtant, le proton est encore l'objet de quelques énigmes. L'une des plus saillantes est celle du rayon de cette particule, car diverses expériences pour le mesurer ont donné des résultats incompatibles. Une autre énigme est au cœur d'une avancée récente. Elle concerne la structure la plus intime du proton et la « mer » de quarks et d'antiquarks qui sévit au sein de cette particule : Jason Dove, de l'université de l'Illinois, à Urbana-Champaign, aux États-Unis, et la collaboration *SeaQuest* ont évalué les contributions relatives de différents antiquarks à cette mer.

L'histoire des quarks et des antiquarks commence au début des années 1960. À cette époque, les physiciens étaient perplexes. Lors de collisions dans des accélérateurs, ils détectaient des centaines de nouvelles particules différentes, de courte durée de vie. La nature reposait-elle sur un vaste « zoo de particules » sans liens entre elles ou un ordre encore inconnu structurait-il cette collection suivant quelques principes simples ? La >



Le proton est composé de trois quarks dits « de valence » *(les trois boules les plus grandes sur cette vue d'artiste)* et d'une mer d'objets éphémères : des paires quark-antiquark *(les petites boules)* et des gluons *(les ressorts)*. Ces derniers sont les vecteurs de l'interaction forte, qui lie les quarks et assure la cohésion du proton.

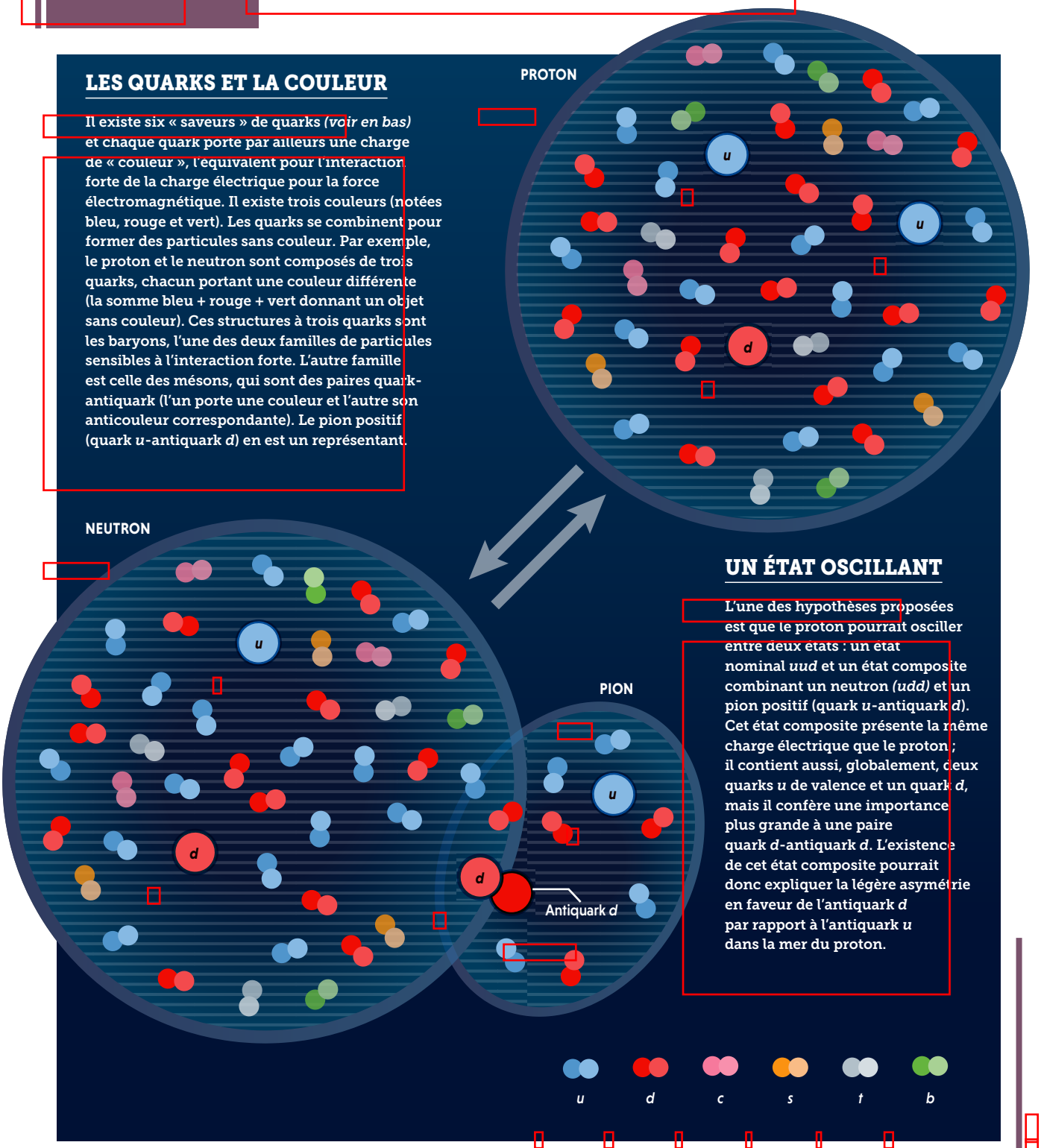
© Laboratoire américain de Brookhaven

UNE MER DOMINÉE PAR LES ANTIQUARKS *D*

D'après la chromodynamique quantique, la théorie qui décrit les quarks, les gluons et leurs interactions, on devrait s'attendre à voir une contribution égale des antiquarks *u* et *d* dans la mer du proton, car ces deux particules ont presque la même masse (comparativement à celle du proton). Pourtant, l'antiquark *d* est légèrement surreprésenté. L'une des explications avancées de cette asymétrie invoque un état oscillant.

LES QUARKS ET LA COULEUR

Il existe six « saveurs » de quarks *(voir en bas)* et chaque quark porte par ailleurs une charge de « couleur », l'équivalent pour l'interaction forte de la charge électrique pour la force électromagnétique. Il existe trois couleurs (notées bleu, rouge et vert). Les quarks se combinent pour former des particules sans couleur. Par exemple, le proton et le neutron sont composés de trois quarks, chacun portant une couleur différente (la somme bleu + rouge + vert donnant un objet sans couleur). Ces structures à trois quarks sont les baryons, l'une des deux familles de particules sensibles à l'interaction forte. L'autre famille est celle des mésons, qui sont des paires quark-antiquark (l'un porte une couleur et l'autre son anticouleur correspondante). Le pion positif (quark *u*-antiquark *d*) en est un représentant.



UN ÉTAT OSCILLANT

L'une des hypothèses proposées est que le proton pourrait osciller entre deux états : un état nominal *uud* et un état composite combinant un neutron *(udd)* et un pion positif (quark *u*-antiquark *d*). Cet état composite présente la même charge électrique que le proton ; il contient aussi, globalement, deux quarks *u* de valence et un quark *d*, mais il confère une importance plus grande à une paire quark *d*-antiquark *d*. L'existence de cet état composite pourrait donc expliquer la légère asymétrie en faveur de l'antiquark *d* par rapport à l'antiquark *u* dans la mer du proton.

© Pour la Science

> réponse est venue en 1964 sous l'impulsion de Murray Gell-Mann et George Zweig, aux États-Unis. Ces physiciens ont supposé que les particules, à l'image du proton et du neutron et de celles qu'on détectait dans les expériences, n'étaient pas des particules élémentaires, mais qu'elles étaient composées d'éléments réellement fondamentaux, les quarks (un nom que Gell-Mann a emprunté dans *Finnegans Wake*, l'œuvre de l'écrivain irlandais James Joyce).

Aujourd'hui, on connaît six types ou «saveurs» de quarks, notées *u*, *d*, *c*, *s*, *t* et *b* (d'après *up*, *down*, *charm*, *strange*, *top*, *beauty*, les noms quelque peu arbitraires qu'on leur a donnés). Le proton, par exemple, est constitué de deux quarks *u* et d'un quark *d*, tandis que le neutron se compose de deux quarks *d* et d'un quark *u*. Les quarks sont sensibles à l'«interaction forte», force fondamentale qui les lie au sein du proton (et du neutron) et qui assure aussi la cohésion des protons et des neutrons au sein du noyau atomique. L'interaction forte est associée à une charge dite de «couleur» (l'équivalent de la charge électrique pour l'électromagnétisme) et elle est véhiculée par des gluons (l'équivalent des photons dans l'interaction électromagnétique) qui portent eux-mêmes une charge de couleur (à la différence des photons, qui sont électriquement neutres).

UN TRIO DE QUARKS

En 1968, à l'accélérateur *Slac*, en Californie, des expériences où des protons étaient bombardés par des électrons de haute énergie ont montré que le proton est une particule composite, ce qui a confirmé l'hypothèse des quarks. Mais rapidement, au cours des années 1970, cette image élégante de la structure du proton est devenue une source de difficultés. En effet, la masse des trois quarks constitutifs ne représente qu'un faible pourcentage de la masse du proton. Et même en ajoutant la masse équivalente à l'énergie cinétique de ces quarks (selon la célèbre relation $E = mc^2$), le compte n'y était pas. Par ailleurs, des expériences montraient qu'une partie des électrons incidents étaient déviés par d'autres constituants dans le proton...

En fait, la théorie de l'interaction forte, la «chromodynamique quantique», indique qu'en plus de ses trois quarks dits «de valence», le proton héberge également une «mer» formée d'une multitude de paires quark-antiquark éphémères, dites «virtuelles». En effet, les gluons qui lient les quarks entre eux émettent parfois de nouveaux gluons ou se désintègrent en une paire quark-antiquark, qui s'annihile aussitôt pour reformer un gluon. L'énergie de cette mer en agitation permanente correspondrait à la partie manquante de la masse du proton.

L'énigme de la masse était-elle ainsi résolue? En 2008, Laurent Lellouch, du Centre de physique théorique du CNRS et de l'université d'Aix-Marseille, et ses collègues ont confirmé l'hypothèse du rôle de la mer en calculant la masse du proton par ordinateur grâce à une technique nommée «chromodynamique quantique sur réseau». Le résultat était compatible avec les mesures expérimentales.

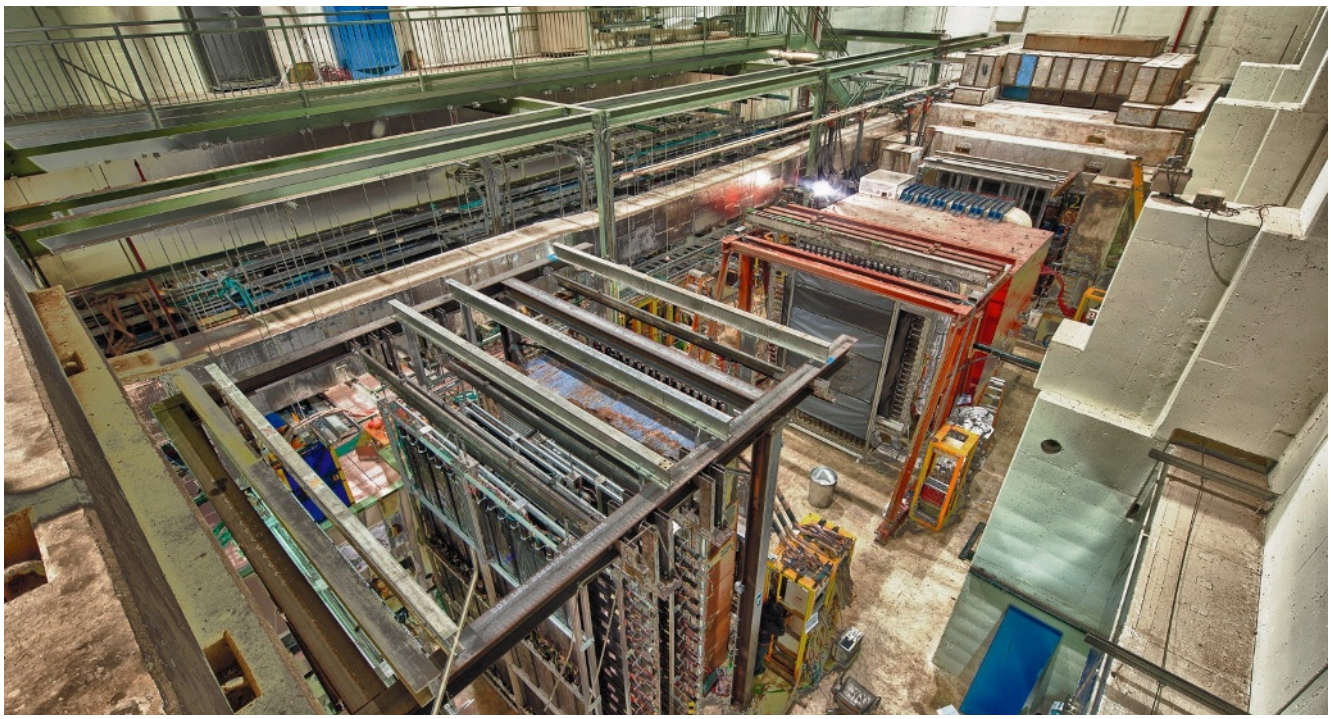
Les physiciens se sont ensuite interrogés sur la composition de la mer de quarks et d'antiquarks. Certaines saveurs de quarks et d'antiquarks y émergent-elles plus fréquemment? Les

Les quarks de valence ne représentent qu'un faible pourcentage de la masse du proton

saveurs ont des masses différentes: les quarks *u* et *d* ont une masse de l'ordre de quelques mégaélectronvolts (en unités d'énergie), *s* est environ 100 fois plus lourd, *c* et *b* sont près de 1000 fois plus lourds et *t* est 100000 fois plus massif. Si tous les quarks contribuent à la mer, celle-ci est dominée par les deux quarks les plus légers, car la probabilité de l'apparition d'une paire quark-antiquark diminue avec la masse. La question se résume donc à savoir dans quelles proportions entrent le quark *u* et le quark *d*. *A priori*, leurs masses étant proches, on peut penser qu'ils apparaissent à parts égales.

Comme il est difficile de distinguer un quark appartenant au triplet de valence *uud* d'un quark appartenant à la mer, les chercheurs ont concentré leur attention sur les antiquarks, qui proviennent forcément de la mer. Dans leurs expériences, ils se focalisent sur un processus particulier pour sonder le proton. En 1970, les Américains Sidney Drell et Tung-Mow Yan ont proposé de bombarder une cible de protons (un gaz d'hydrogène) avec un faisceau de protons. Lorsqu'un quark de valence d'un proton incident interagit avec un antiquark de la mer d'un proton de la cible, ils s'annihilent en formant un photon, qui se désintègre à son tour en une paire électron-positron ou une paire muon-antimuon (le muon étant une version plus lourde de l'électron). Dans ce type d'expériences, les muons sont plus faciles à mesurer; dès lors, les physiciens analysent les muons émergents pour déterminer les proportions des antiquarks *u* et *d*.

Deux expériences ont été menées afin d'effectuer ce type de mesure. L'expérience *NA51*, >



Vue de l'expérience *SeaQuest* à Fermilab. Le faisceau de protons traverse les différentes couches du dispositif *(d'en bas à gauche à en haut à droite sur cette photo)*. Les particules produites lors des collisions se dirigent alors vers un mur de fer de cinq mètres d'épaisseur. Elles sont toutes arrêtées, à l'exception des muons qui sont alors détectés de l'autre côté ; l'analyse de leurs énergies et de leurs impulsions permet d'obtenir des informations sur la composition de la mer de quarks et d'antiquarks du proton.

> au Cern, a publié ses résultats en 1994 ; l'expérience *NuSea*, à Fermilab, près de Chicago, en 2001. Les deux expériences ont conduit à une conclusion surprenante : dans la mer du proton, les antiquarks *d* sont légèrement plus nombreux que les antiquarks *u*.

LES PISTES DE L'ASYMÉTRIE

Comment expliquer cette asymétrie ? Plusieurs mécanismes ont été avancés. Par exemple, certains physiciens ont invoqué le principe d'exclusion de Pauli, qui s'applique notamment aux quarks et qui interdit que deux particules identiques soient dans le même état quantique. Comme le proton a deux quarks *u* de valence et un seul *d*, le principe d'exclusion de Pauli favoriserait plutôt la paire quark-antiquark de type *d*. Une autre piste consiste à dire que la structure du proton oscillerait entre celle à trois quarks de valence (*uud*) et une forme combinant un neutron (*udd*) et un pion positif, particule constituée d'un quark *u* et d'un antiquark *d*. Ce dernier aurait donc une présence plus importante dans la mer d'antiquarks. Enfin, un modèle statistique comparant la mer de quarks à un gaz exhibe aussi un excès d'antiquarks *d*.

Ces différentes explications ne donnent pas les mêmes prédictions quantitatives, mais la précision des deux expériences *NA51* et *NuSea* était insuffisante pour les discriminer. Plus surprenant, dans l'expérience *NuSea*, les physiciens ont déduit le rapport d'abondance des antiquarks *u* et *d* en fonction de l'impulsion du quark du proton incident impliqué dans la réaction de Drell-Yan. Ils ont constaté qu'à haute impulsion, le rapport semblait s'inverser en faveur des antiquarks *u*, ce qui mettait à mal les scénarios proposés.

Mais ce résultat, à la limite des capacités de mesure de l'expérience *NuSea*, n'était pas forcément très fiable. Il était donc nécessaire de refaire l'expérience. C'est ce qu'a entrepris la collaboration *SeaQuest*, à Fermilab. Avec une précision accrue, l'équipe a montré que le rapport restait quasi constant en faveur des antiquarks *d* même à une énergie élevée, ce qui contredisait ainsi les dernières mesures de *NuSea*. Ce nouveau résultat réhabilite les scénarios théoriques, mais ne permet pas pour autant de les discriminer.

Pour résoudre cette énigme, les simulations qui utilisent les principes premiers de la chromodynamique quantique pour calculer les propriétés du proton seront une aide précieuse. Mais la solution viendra peut-être de la mesure du spin du proton.

Le spin est une grandeur quantique qui correspond au moment cinétique intrinsèque de la particule. Or, de la même façon que les quarks de valence ne représentent qu'un faible pourcentage de la masse du proton, ils ne contribuent qu'à hauteur de 30 % à son spin. Comment la mer de quarks et d'antiquarks restitue-t-elle les 70 % restants ? Les modèles statistiques ou ceux faisant intervenir la configuration neutron-pion pourraient conduire à des prédictions assez différentes, ce qui permettrait de les tester. Et déjà, des expériences sont à l'étude à Fermilab, au laboratoire américain de Brookhaven et au Cern. Les physiciens finiront-ils alors par extraire tous les trésors qui se cachent au fond de cette mer de particules virtuelles ? ■

BIBLIOGRAPHIE

J. Dove *et al.*, **The asymmetry of antimatter in the proton**, *Nature*, vol. 590, pp. 561-565, 2021.

T. Smith, **L'anatomie du neutron**, *Pour la Science*, n° 404, pp. 30-37, juin 2011.

© Fermilab (Laboratoire Fermi de l'accélérateur américain)

L'espace pour de vrai...
le temps d'un livre

humenSciences

humensciences.com

Le projet «Génome humain», vingt ans après

© Shutterstock.com/ivector

L'ESSENTIEL

> En 2001, deux équipes ont indépendamment publié la première carte du génome humain, fournissant ainsi la liste de tous les gènes codant des protéines chez l'humain.

> Depuis, les recherches sur le génome humain ont explosé, notamment sur les régions du génome qui ne codent pas de protéines.

> L'analyse des publications scientifiques associées révèle qu'une grande partie concerne un petit nombre de gènes et qu'il reste encore de nombreuses cibles potentielles de médicaments à exploiter.

LES AUTEURS

ALEXANDER J. GATES
bio-informaticien, chercheur associé à l'université Northeastern, à Boston, aux États-Unis

DEISY MORSELLI GYSI
bio-informaticienne en postdoctorat à l'université Northeastern, à Boston, aux États-Unis

MANOLIS KELLIS
professeur d'informatique à l'institut de technologie du Massachusetts, à Cambridge, aux États-Unis

ALBERT-LÁSZLÓ BARABÁSI
professeur de science des réseaux à l'université Northeastern, à Boston, aux États-Unis

Cet article est une traduction de « A wealth of discovery built on the Human Genome Project – by the numbers », publié sur *Nature.com* le 10 février 2021.

Le séquençage du génome humain a eu un impact considérable sur la génomique en termes de publications scientifiques, de nouveaux médicaments et de compréhension des maladies.

Le vingtième anniversaire de la publication de la première carte du génome humain (indépendamment par une équipe internationale autour du biologiste américain Craig Venter et par le Consortium international pour le séquençage du génome humain) offre l'occasion d'examiner en quoi ce projet a aidé la recherche des racines génétiques de maladies, favorisé la découverte de nouveaux médicaments et contribué à revoir notre compréhension du génome.

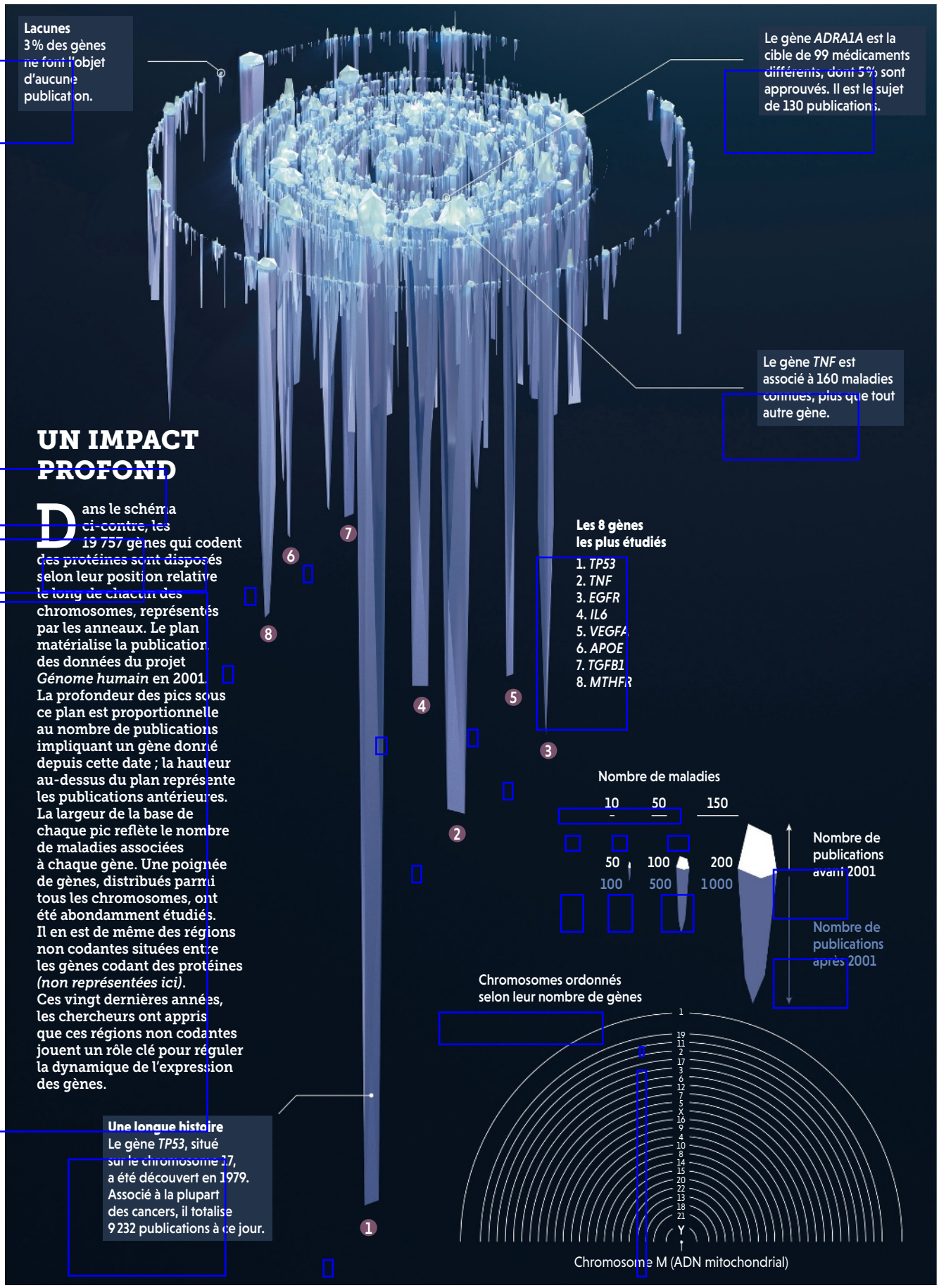
Pour illustrer cet impact, nous avons combiné plusieurs ensembles de données afin de quantifier les différents éléments génétiques qui ont été découverts et ont donné lieu à des publications, et visualiser comment le rythme et les sujets de publication ont évolué au fil des ans. Notre analyse rassemble des données telles que 38 546 transcriptions d'ARN, environ 1 million de polymorphismes touchant un seul nucléotide [les nucléotides sont les constituants de l'ADN, ndt] ou SNP, 1660 maladies ayant des racines génétiques documentées, 7712 produits pharmaceutiques autorisés ou expérimentaux et 704 515 articles scientifiques publiés entre 1900 et 2017.

Les résultats mettent en évidence comment le projet *Génome humain*, avec la liste exhaustive des gènes codant des protéines qu'il a permis d'établir, a marqué le début d'une nouvelle ère – celle de l'étude de la partie non codante du génome – et a ouvert la voie à des développements thérapeutiques. Surtout, ces résultats permettent de suivre l'émergence d'une vision systémique de la biologie, parallèlement à la perspective classique focalisée sur chaque gène individuel, à mesure que les chercheurs cartographiaient les interactions des éléments constitutifs des cellules.

UN APERÇU DES PUBLICATIONS DU DOMAINE

Notre analyse a cependant ses limites. Par exemple, il n'existe pas de consensus sur l'endroit où un gène commence et se termine ni même, étonnamment, sur la séquence exacte codant certains gènes. De multiples conventions sont utilisées en parallèle pour nommer certains éléments du génome, de sorte que notre méthodologie a parfois échoué à les relier. Et d'autres liens entre publications et éléments génomiques n'ont peut-être pas été ajoutés aux bases de données par leurs auteurs. Enfin, nos graphiques s'arrêtent en 2017, car il peut y avoir un décalage entre la publication d'un article et son entrée dans les bases de données que nous avons utilisées.

Toutefois, nous ne pensons pas que ces limitations modifient de façon notable les tendances globales constatées dans l'évolution de la recherche sur le génome au fil du temps. Et ces tendances persistent lorsque nous prenons en compte la croissance de la production scientifique en biologie au cours de la même période. Nous n'avons pas effectué ces contrôles sur toute la période qui a suivi la découverte des gènes, mais nous estimons que cela n'aurait pas modifié nos conclusions. >



© Nature ; source : Barabási lab

> Ces statistiques offrent un aperçu de l'évolution du paysage de la recherche avant et après le projet *Génome humain*. Cet aperçu montre l'importance accordée à un petit nombre de gènes codant des protéines «superstars», au détriment de travaux potentiellement intéressants sur d'autres gènes. Il y a eu aussi une bascule vers l'étude des régions non codantes du génome et vers la compréhension des interactions du matériel génétique et des protéines. Quant à la recherche pharmacologique, elle s'est concentrée sur un nombre limité de cibles protéiques.

Certaines de ces tendances sont familières aux biologistes, mais les quantifier et les visualiser permet de les considérer sous un nouveau jour.

22% des publications relatives aux gènes ne concernaient que 1% des gènes en 2017

Il n'y a pas d'histoire alternative où le projet *Génome humain* n'aurait pas existé pour comparer ce qu'il serait advenu sans. Il est donc impossible de dire si ces tendances en biologie seraient apparues de toute façon. D'autres facteurs, allant d'une puissance de calcul accrue à des méthodes de séquençage plus sophistiquées, ont également joué un rôle dans nombre de ces évolutions. Il est néanmoins clair que le catalogue du projet *Génome humain* a catalysé la révolution génétique en cours.

LES GÈNES SUPERSTARS

On pense souvent que le projet *Génome humain* a marqué le début de la recherche intensive de gènes codant des protéines. En fait, la publication de 2001 a signé la fin d'une quête qui a duré des décennies. En effet, la première preuve de l'existence d'un gène codant une protéine date de 1902, avec la découverte de l'hormone sécrétine cinquante ans avant que la structure de l'ADN ne soit découverte, et soixante-quinze ans avant que le séquençage du génome ne devienne courant [à cette époque, on ne formulait pas encore les choses en ces termes: les auteurs de l'étude, les physiologistes britanniques William Bayliss et Ernest Starling, ont rapporté que des cellules épithéliales de l'intestin produisaient une substance, la sécrétine, à partir d'un précurseur présent dans les cellules et qui résistait à divers traitements chimiques; on a compris plus tard que la sécrétine est une protéine et son précurseur un gène, ndt]. Notre analyse montre que, entre le début du projet *Génome humain* en 1990 et son achèvement en 2003 (après la première publication en 2001), le nombre de gènes humains découverts (ou «annotés») a augmenté de façon spectaculaire. Il s'est soudain stabilisé au milieu des années 2000 à environ 20000 gènes codant des protéines, bien loin des 100000 estimés précédemment par de nombreux biologistes.

Bien que la découverte de gènes codant des protéines ait atteint un plateau, l'intérêt pour les gènes individuels a vite augmenté à la suite du projet *Génome humain*. Chaque année depuis 2001, entre 10000 et 20000 articles mentionnant des gènes codant des protéines ont été publiés.

Cependant, cet intérêt s'est principalement focalisé sur seulement quelques gènes. Avant 1990, le gène *HBA1* était le plus étudié, car il code l'une des protéines de l'hémoglobine. À partir de 1990, l'attention (d'après le nombre cumulé de publications) s'était ensuite portée sur le gène *CD4*, impliqué dans le fonctionnement des lymphocytes T et leur vulnérabilité au virus du sida. Mais l'intérêt pour ces deux gènes fait pâle figure à côté de l'explosion des articles sur des gènes individuels qui a suivi la publication du projet *Génome humain* en 2001. Certains gènes superstars, dont *TP53*, *TNF* et *EGFR*, ont fait l'objet de centaines d'articles par an, tandis que la plupart des autres gènes ne recevaient que peu d'attention. En 2017, 22% des publications relatives aux gènes ne faisaient référence qu'à 1% des gènes.

Une étude intensive est bien sûr justifiée pour les gènes qui ont une importance biologique majeure. Un bon exemple est le gène *TP53*, crucial pour la croissance et la mort cellulaire, et dont l'altération ou l'inactivation conduit à des cancers. On trouve des variations de ce gène dans plus de 50% des séquences génétiques tumorales. Il est mentionné dans 9232 publications entre 1976 et 2017.

On pourrait supposer que plus on en sait sur les mêmes quelques gènes, plus on serait enclin à explorer le reste du génome. Mais c'est le contraire qui s'est produit au cours des deux dernières décennies: on a accordé plus d'attention à une poignée d'élus. Bien que cela ait été signalé comme un problème potentiel lors du dixième anniversaire de la publication du projet *Génome humain*, il n'y a eu aucun changement de cap depuis.

Nos travaux antérieurs sur d'autres systèmes très différents, des réseaux humains à internet, indiquent que ce déséquilibre peut s'expliquer par une dynamique de type «plus on est riche, plus on s'enrichit». Il est probable qu'à mesure que le nombre de publications >

> focalisées sur le gène *TP53* augmente, il devient d'autant plus facile d'obtenir des financements, un encadrement, des outils et d'être cité pour les travaux futurs sur *TP53*. Dans la science des réseaux, ce phénomène est appelé « attachement préférentiel ». De fait, on constate que le nombre de nouvelles publications annuelles portant sur un gène donné est directement proportionnel à l'abondance de la littérature préexistante sur ce gène.

Un défi pour la biologie consiste maintenant à déterminer ce qu'il faudra étudier ensuite. Les chercheurs consacrent-ils de l'argent, du temps et des efforts à ce qui est le plus important et le plus urgent, ou à ce qui est en terrain connu, parce que c'est une recette fiable pour obtenir des subventions et de la reconnaissance?

DES TRÉSORS DANS LES POUBELLES

Un grand débat a précédé le lancement du projet *Génome humain*: était-il utile de cartographier les vastes régions non codantes du génome, que l'on appelait alors « ADN poubelle » ou « matière noire » du génome? Grâce en grande partie au projet *Génome humain*, on sait maintenant que la majorité des séquences fonctionnelles du génome humain ne codent pas de protéines. Au contraire, des éléments tels que les ARN non codants, les promoteurs, les séquences stimulatrices [de petits segments d'ADN nécessaires pour activer les gènes, ndt] et d'innombrables motifs de régulation des gènes travaillent ensemble pour donner vie au génome. Les variations dans ces régions n'altèrent pas les protéines, mais peuvent perturber les réseaux qui régissent l'expression de ces dernières.

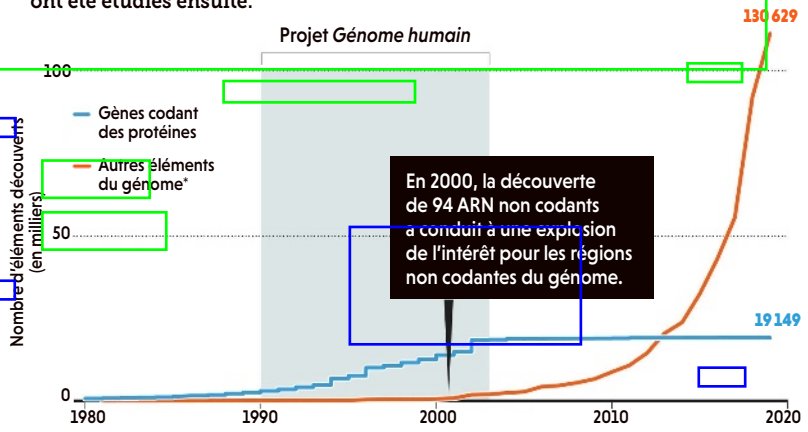
Avec la carte du génome humain en main, la découverte d'éléments non codants a explosé. Jusqu'à présent, le rythme a été cinq fois plus rapide que celui de la découverte des gènes codant des protéines et il ne montre aucun signe de ralentissement. De même, le nombre de publications portant sur ces constituants du génome a augmenté au cours de la période couverte par notre ensemble de données (1900 à 2017). Par exemple, il existe des milliers d'articles sur les ARN non codants, qui régulent l'expression des gènes.

Le projet *Génome humain* a également offert un moyen de cataloguer les variations génétiques humaines, y compris celles des polymorphismes touchant un seul nucléotide, les SNP. D'autres efforts importants ont permis de réduire le coût de l'identification de variations communes à des milliers d'individus, notamment celui du projet international *HapMap* (dont la troisième et dernière phase s'est achevée en 2010) et du projet *1000 génomes* (achevé en 2015). Ces ensembles de données, combinés aux progrès de l'analyse statistique, ont

VINGT ANS DE POUBELLES, DE STARS ET DE MÉDICAMENTS

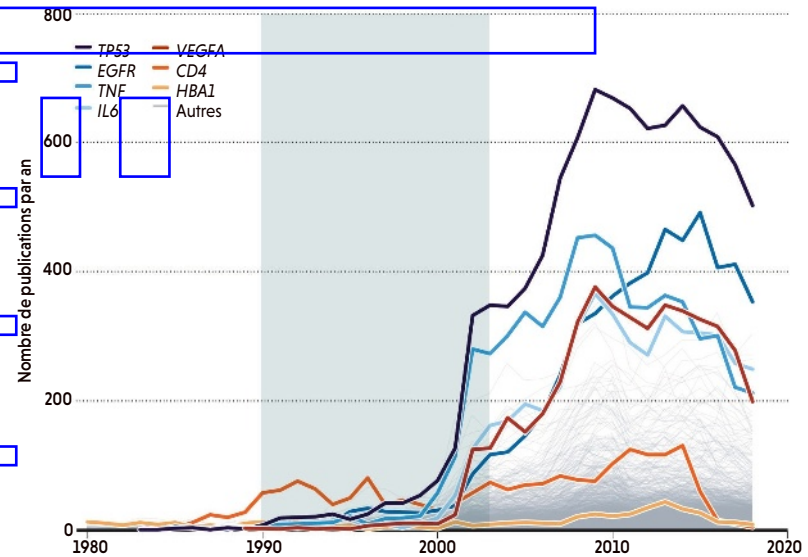
Ce que les chercheurs en génomique ont étudié, quand et pourquoi, tel que le retrace l'analyse bibliométrique.

Éléments non codants. La plupart des gènes codant des protéines ont été découverts avant la première publication du projet *Génome humain* en 2001. De nombreux autres éléments du génome, auparavant nommés « ADN-poubelle », ont été étudiés ensuite.

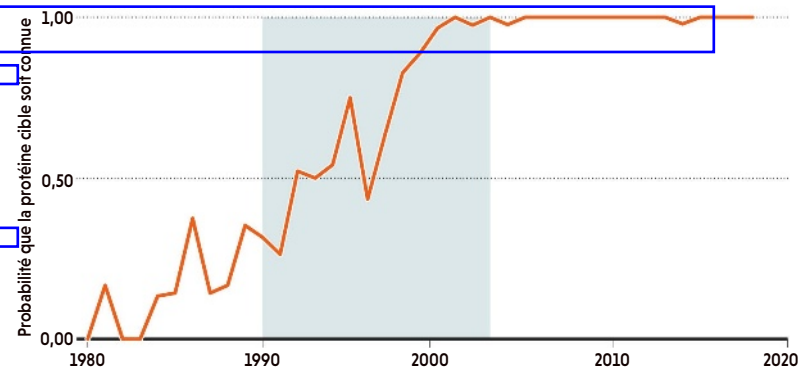


* Polymorphismes touchant un seul nucléotide (SNP), pseudogènes, ARN non codant, promoteurs, etc.

Gènes stars. Le projet *Génome humain* a conduit à une explosion des recherches sur un petit nombre de gènes.



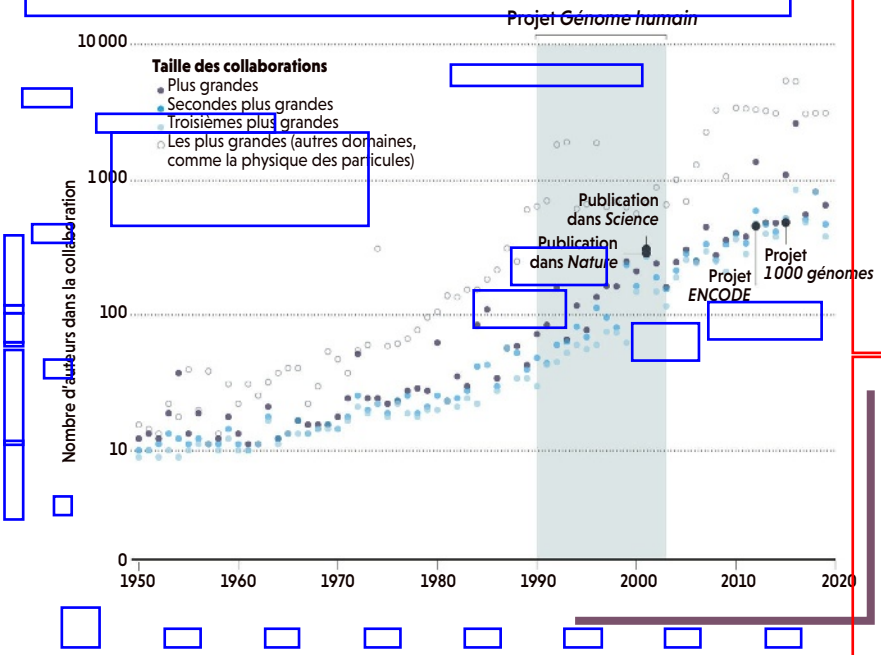
Cibles thérapeutiques. Depuis 2001, on a identifié les protéines cibles de près de 100 % des nouveaux médicaments approuvés chaque année aux États-Unis.



© Nature ; source : Barabási lab

PAS DE BOND DANS LA TAILLE DES ÉQUIPES

Selon une idée répandue, le nombre d'auteurs collaborant dans les publications liées au projet de séquençage du génome humain a brusquement augmenté après 2001. En réalité, la taille des équipes en biologie a progressé de façon continue depuis les années 1950.



inauguré les études d'association sur le génome entier (Gwas) pour d'innombrables traits phénotypiques tels que la taille, l'obésité et la sensibilité à des maladies complexes telles que la schizophrénie [ces études consistent à comparer le génome d'un grand nombre d'individus témoins à celui d'un grand nombre d'individus présentant le trait ou la maladie considérés, ndt]. Plus de 30000 articles sont aujourd'hui publiés par an sur les liens entre SNP et traits phénotypiques. Une grande partie de ces associations se trouvent dans les régions non codantes du génome autrefois négligées.

Par ailleurs, les fonctions cellulaires reposent sur des liens plus ou moins directs entre le matériel génétique et les protéines. La cartographie de ce réseau complète désormais la perspective de l'hérédité mendélienne. Aujourd'hui, plus de 300000 interactions ont été cartographiées – il s'agit de protéines se liant à des régions non codantes du génome ou à d'autres protéines.

DE NOUVEAUX MÉDICAMENTS

Avant les années 1980, la découverte de médicaments devait beaucoup au hasard. Leurs cibles moléculaires et protéiques étaient généralement inconnues. Jusqu'en 2001, la probabilité de connaître toutes les protéines ciblées par un médicament était inférieure à 50%. Le projet *Génome humain* a changé la donne. Aujourd'hui, les cibles protéiques de presque tous les médicaments autorisés aux États-Unis chaque année sont connues.

Sur les quelque 20000 protéines révélées par le projet *Génome humain* comme cibles potentielles de médicaments, notre analyse révèle que seulement 10% environ (2149) jusqu'à présent ont été ciblées par des médicaments approuvés. Cela laisse près de 90% du protéome non exploré par la pharmacologie. Si on inclut les médicaments encore en phase d'expérimentation, le nombre de protéines ciblées passe à 3119. Là encore, l'attention accordée à ces cibles est très inégale. Cinq pour cent de tous les médicaments actuellement approuvés (99 molécules distinctes) ciblent par exemple la protéine ADRA1A, impliquée dans la croissance et la prolifération cellulaires.

Comme pour l'étude des gènes, de bonnes raisons expliquent ce déséquilibre. Certaines protéines sont plus importantes que d'autres pour la santé ou plus susceptibles d'être utilisées comme cibles de médicaments. D'autres au contraire pourraient ne pas être des cibles exploitables. Mais peut-être que beaucoup plus de protéines mériteraient d'être étudiées comme cibles potentielles de médicaments si seulement les chercheurs, les bailleurs de fonds et les revues académiques étaient moins réticents à prendre des risques.

Cela dit, la majorité des médicaments efficaces ne visent pas directement les gènes individuels liés à une maladie. Ils ciblent plutôt des protéines situées une ou deux interactions plus loin dans le réseau de molécules impliquées, en modulant les conséquences de composants défectueux. Par exemple, un examen à grande échelle de médicaments existants pour estimer s'ils pourraient être redirigés contre le Covid-19 a révélé que seuls 1% des candidats prometteurs visaient une protéine du virus SARS-CoV-2 – la majorité modulaient des protéines humaines qui n'étaient pas directement impliquées dans son activité. Ces médicaments présentent un potentiel énorme.

UN APERÇU DU RÉSEAU

En résumé, nous pensons que le projet *Génome humain* est plus remarquable pour la nouvelle ère génomique qu'il a inaugurée que pour le catalogue de gènes codant des protéines lui-même. Comme le montre la théorie des systèmes complexes, une étude précise des composants est nécessaire mais pas suffisante pour comprendre un système. La complexité découle de la diversité des interactions des composants. Après vingt ans de recherches s'appuyant sur le projet *Génome humain*, les biologistes ont maintenant un aperçu de la structure et de la dynamique des réseaux qui définissent la vie. ■

BIBLIOGRAPHIE

D. M. Gysi *et al.*, **Network medicine framework for identifying drug repurposing opportunities for COVID-19,** *arXiv*, 2020.

D. S. Wishart *et al.*, **DrugBank 5.0 : A major update to the DrugBank database for 2018,** *Nucleic Acids Res.*, vol. 46, pp. D1074-D1082, 2018.

J. C. Venter *et al.*, **The sequence of the human genome,** *Science*, vol. 291, pp. 1304-1351, 2001.

International Human Genome Sequencing Consortium, **Initial sequencing and analysis of the human genome,** *Nature*, vol., 409, pp. 860-921, 2001.

G. Bianconi et A.-L. Barabási, **Competition and multiscaling in evolving networks,** *Europhys. Lett.*, vol. 54, pp. 436-442, 2001.

© Nature ; source : Barabási lab

L'ESSENTIEL

> Les télécommunications et l'informatique nécessitent des dispositifs photoniques qu'il n'est pas toujours facile de concevoir ou d'améliorer.

> Les algorithmes classiques d'optimisation sont capables de proposer des dispositifs photoniques performants. Mais les structures obtenues sont parfois inutilement complexes.

> Or les structures nanométriques chez certains animaux comme les insectes et les oiseaux présentent des propriétés optiques particulières : réflexion sélective, diffraction...

> En s'inspirant de l'évolution et de la sélection naturelle, il est possible de retrouver grâce à des algorithmes d'optimisation des systèmes photoniques observés dans la nature ou d'en inventer de nouveaux.

LES AUTEURS

ANTOINE MOREAU
enseignant-chercheur à l'université Clermont-Auvergne et à l'institut Pascal

PAULINE BENNET
doctorante à l'institut Pascal

Quand la photonique s'inspire du vivant

Papillon morpho, casside dorée, mouche verte... Le monde des insectes présente des couleurs spectaculaires, liées à la présence de nanostructures dans leur carapace ou leurs ailes. Inspirés de ces structures et de la sélection naturelle, des algorithmes d'optimisation créent aujourd'hui des systèmes photoniques innovants et étonnants.

Le monde du vivant a la capacité fascinante de jouer avec la lumière et les couleurs. Au fil de l'évolution, les plantes et les animaux se sont dotés de couleurs vives, de reflets métallisés, de motifs complexes ou, au contraire, de tons discrets qui leur permettent de se fondre dans leur environnement. Comprendre les mécanismes sous-jacents est une source de nombreuses surprises, mais aussi d'inspiration pour la conception de dispositifs manipulant la lumière.

Ces couleurs qui nous ravissent sont souvent le résultat de la présence de pigments, des molécules qui absorbent la lumière de façon sélective. Mais ce n'est pas toujours le cas. Par exemple, les grosses mouches vertes n'ont en réalité aucun pigment sur leur exosquelette. Et il en est de même des papillons morphos – dont le plus célèbre, *Morpho rhetenor*, et ses grandes ailes bleues – et des coléoptères qui semblent faits d'or, tels *Charidotella sexpunctata* ou *Aspidimorpha sanctaecrucis*. Ces derniers ont des surnoms évocateurs : casside dorée, scarabée « tortue dorée » ou encore scarabée « or du fou » en anglais (*voir la photo ci-contre*).

Chez ces insectes, des structures nanométriques dans les ailes ou la cuticule interagissent avec la lumière incidente. Du fait de la nature ondulatoire de la lumière, elles créent des interférences et des effets de diffraction aux résultats étonnants : réflexion d'une unique longueur d'onde, réflexion totale à l'exception d'une longueur d'onde, émission directionnelle des couleurs avec un effet d'iridescence, etc. L'étude de ces structures révèle leur simplicité et leur efficacité. Il semble donc pertinent de s'inspirer du vivant pour concevoir de nouveaux dispositifs >

Ce coléoptère du genre *Aspidimorpha* présente sur ses élytres une couleur dorée spectaculaire. Celle-ci est due à une structure nanométrique qui réfléchit toute la lumière visible à l'exception du bleu.

© Shutterstock.com/Somrerk Witthayanant

> optiques. Pour y parvenir, les chercheurs imitent les mécanismes de la sélection naturelle pour tendre vers des systèmes le plus performants possible. Cette approche s'est développée ces dernières années, conjointement à l'accroissement de la puissance de calcul des ordinateurs. Et les résultats défient parfois l'intuition des spécialistes !

EMPILEMENTS DE COUCHES MINCES

Pour se lancer dans l'optimisation d'un système photonique, il faut d'abord étudier ceux que l'on trouve dans la nature afin d'en comprendre les principes généraux. Chez la mouche, le vert métallique éclatant est lié à la structure de la cuticule. Celle-ci est constituée d'un empilement de couches de quelques dizaines de nanomètres, capables ensemble de réfléchir la lumière alors qu'elles sont toutes, prises individuellement, transparentes. En effet, lorsqu'une onde lumineuse traverse un arrangement de matériaux transparents, une fraction est réfléchie à chaque interface de deux couches (*voir l'encadré ci-dessous*). Que se passe-t-il alors ?

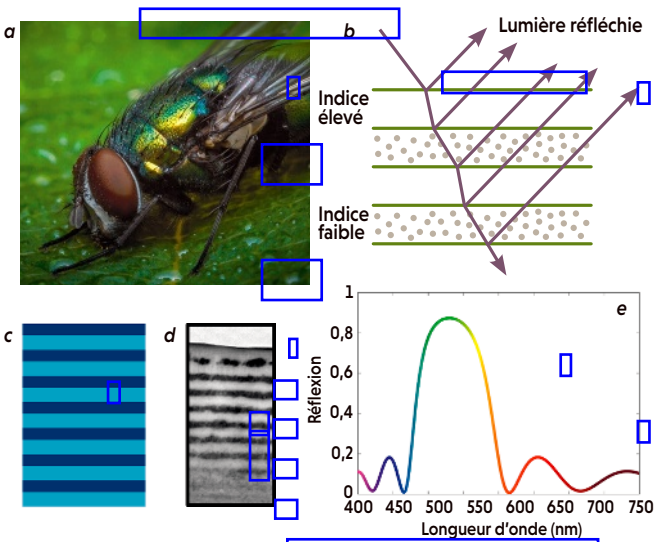
Représentons la lumière comme des vagues, c'est-à-dire des successions de creux et de bosses (plus précisément, c'est l'amplitude des composantes électrique et magnétique de la lumière qui oscille de façon périodique). Chaque réflexion produit son propre système de vagues. Si les bosses (et respectivement les creux) de toutes ces ondes ressortent synchronisées, elles s'additionnent et forment un système de vagues renforcées. On dit que les réflexions sont en phase en émergeant de la structure et qu'elles s'ajoutent (ou qu'elles interfèrent) de façon constructive.

Cependant, l'alignement des bosses (et des creux) dépend des caractéristiques de la structure et varie selon la longueur d'onde. Aussi la réflexion n'est-elle forte que pour une certaine longueur d'onde – dans le cas de la mouche, autour de 530 nanomètres, ce qui correspond au vert. Ainsi, en général, pour la grande majorité des longueurs d'onde, la lumière ne ressort

DES INSECTES ROIS DES COULEURS

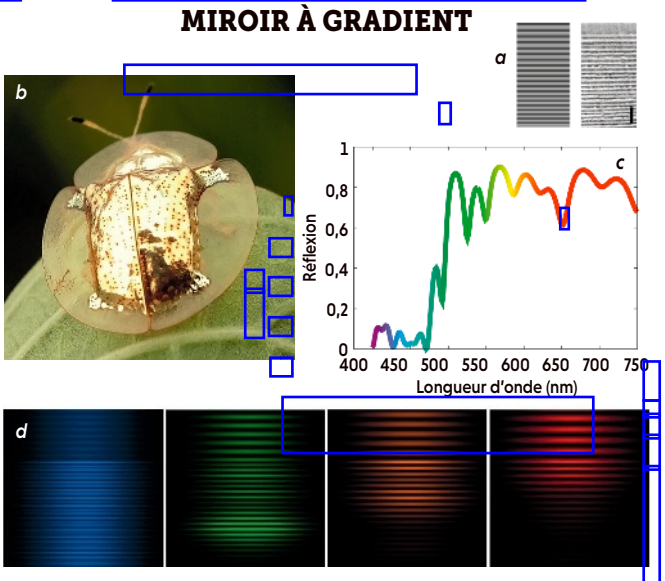
De nombreux effets optiques confèrent des couleurs intenses à l'exosquelette ou aux ailes des insectes et d'autres organismes. Des structures nanométriques sont à l'origine de ces phénomènes. Parmi les plus fréquents, on observe : le miroir de Bragg, un empilement de couches de même épaisseur optique, alternant un indice de réfraction faible et fort ; un miroir à gradient, où l'épaisseur des couches varie en fonction de la profondeur ; et des réseaux de diffraction, comme chez le papillon morpho, où un motif en « sapin de Noël » se répète régulièrement.

MIROIR DE BRAGG



Comme chez la mouche verte *(a)*, un empilement de couches d'indices différents conduit à une réflexion à chaque interface *(b)*. Cette structure peut être simulée numériquement *(c)* et comparée à celle observée au microscope chez un insecte *(d)*. Dans le cas de la mouche, ce miroir réfléchit surtout le vert *(e)*.

MIROIR À GRADIENT



Si l'épaisseur des couches varie avec la profondeur *(a, simulé et réel)*, on obtient une couleur or comme chez la casside dorée *(b)*. Le spectre simulé montre que toutes les couleurs sont réfléchies, sauf le bleu *(c)*. Dans une simulation, on peut voir que le bleu s'enfonce dans la structure sans s'arrêter tandis que le vert, l'orange et le rouge sont réfléchis à différentes profondeurs *(d)*.

© Shutterstock.com/Ezume Images/yusuf kurnia/ Vladimirkarp

pas en phase et l'amplitude de l'onde réfléchie associée est très réduite. C'est le cas du rouge et du bleu dans la cuticule de la mouche.

L'exemple de la mouche verte illustre parfaitement le fait qu'en structurant des matériaux transparents à très petite échelle, on est en mesure de manipuler la lumière à volonté. Historiquement, on a d'abord manipulé la lumière pour améliorer la vision. Mais la lumière est aussi devenue un support pour transmettre de l'information ou transporter de l'énergie. Sa destination finale n'était plus uniquement l'œil humain. Pouvoir manipuler la lumière à l'aide de structures nanométriques s'est alors révélé crucial.

Aujourd'hui, des structures multicouches – des empilements de matériaux transparents – sont utilisées pour mélanger différentes couleurs dans une seule fibre optique. De telles fibres traversent l'océan Atlantique avant d'être séparées par des structures équivalentes une fois à destination. Cette stratégie de multiplexage augmente le débit des câbles sous-marins sans que l'on ait besoin d'en poser de nouveaux. Autre exemple, les panneaux photovoltaïques sont tous couverts de couches antireflets qui, en produisant des interférences constructives dans la direction du matériau absorbant, leur permettent de convertir plus de lumière en électricité.

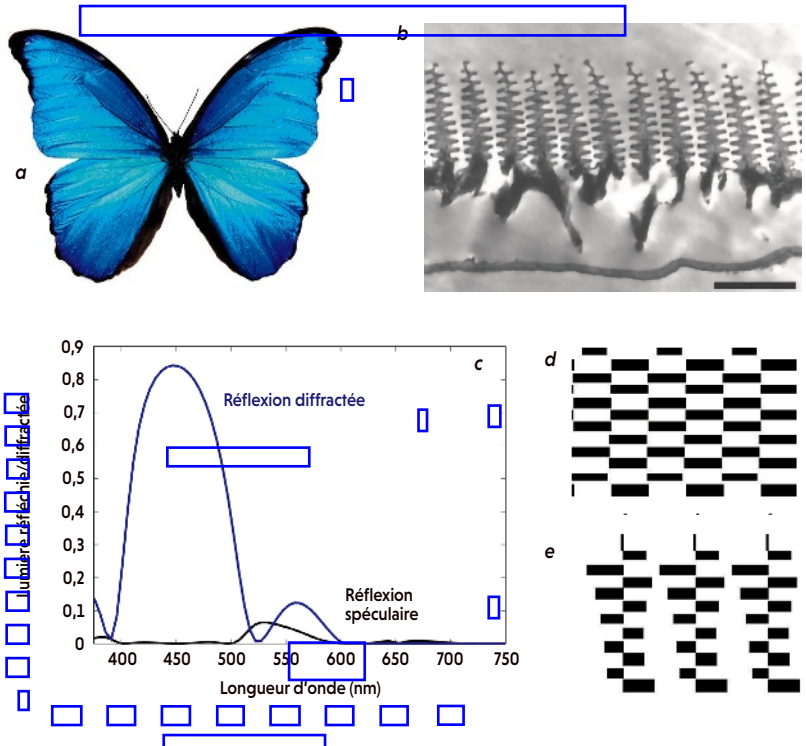
L'un des défis actuels est d'intégrer des composants manipulant la lumière (que l'on peut aussi considérer comme une assemblée de photons) à côté de composants utilisant des électrons : de la photonique interfacée avec de l'électronique. L'objectif est d'améliorer la communication entre les processeurs et les unités de mémoire pour augmenter les débits de données et gagner en vitesse de traitement. La conception de tels dispositifs est loin d'être aisée. Des programmes sont capables de simuler la façon dont la lumière se comporte dans un certain système. Mais, à l'inverse, il n'y a pas de recette universelle pour imaginer le composant photonique qui exécutera la fonction dont on a besoin.

UN MIROIR SÉLECTIF

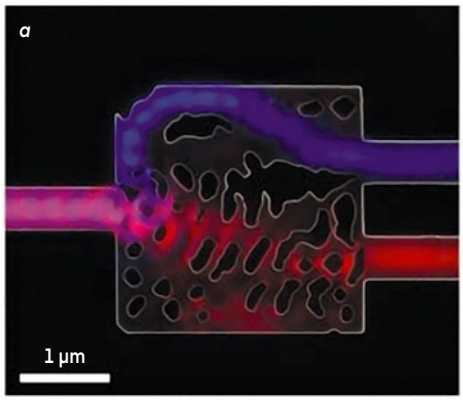
La solution la plus simple est de s'inspirer de la nature. Les structures photoniques que l'on y observe permettent aux insectes de réfléchir beaucoup de lumière (ou très peu) pour des couleurs très précises ou au contraire pour presque tout le spectre visible. Certaines de ces architectures élégantes sont déjà très bien connues et étudiées. La structure que les mouches vertes portent sur leur dos est ainsi un « miroir de Bragg ». Elle alterne des couches d'indice optique élevé, dans lesquelles la lumière se propage plus lentement, et des couches d'indice optique faible, dans lesquelles la lumière se propage plus rapidement. Quand ces couches ont une épaisseur égale à un quart d'une certaine longueur d'onde, alors la lumière est réfléchie fortement pour cette longueur d'onde. Résultat : la structure réfléchit la lumière à une longueur d'onde particulière et l'efficacité est d'autant plus grande que l'on ajoute des couches. Le miroir de Bragg est utilisé, par exemple, pour réfléchir un faisceau laser, parce que, à la différence d'un miroir métallique, cette structure ne chauffe pas.

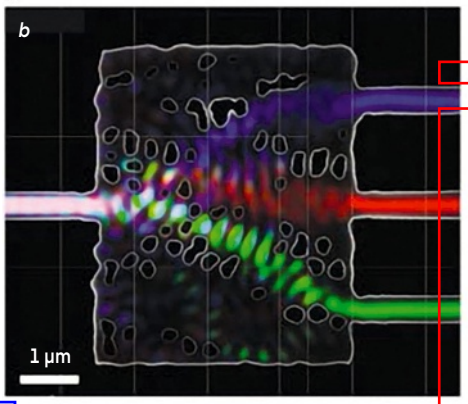
On trouve aussi dans la nature des insectes dont la carapace réfléchit presque toute la gamme du spectre optique, du vert au rouge, mais pas le bleu. Ces insectes nous apparaissent comme couverts d'or, comme la casside dorée. La structure qui produit cet effet ressemble à un miroir de Bragg dont l'épaisseur des couches varie graduellement : les différentes parties de la structure réfléchissent alors différentes composantes du spectre lumineux. Avec les mêmes matériaux que le miroir de Bragg et une architecture régulière, mais apériodique, on obtient donc un comportement optique très différent. >

RÉSEAU DE DIFFRACTION DU MORPHO



Plusieurs espèces de papillons morpho exhibent une magnifique couleur bleu métallisé *(a)*. Elle est liée à une structure en « sapins de Noël » *(b)*. Ceux-ci forment un réseau de diffraction qui renvoie les différentes longueurs d'onde de la lumière selon un angle spécifique et avec une efficacité variable. C'est ce que l'on constate sur le spectre *(c)*, où la lumière bleue est fortement diffractée. La deuxième courbe représente la réflexion spéculaire isotrope (l'effet miroir). Cette composante est très atténuée. Lorsque les chercheurs tentent d'optimiser un système optique pour reproduire les caractéristiques des ailes du papillon, ils obtiennent un réseau interdigité régulier *(d)*. S'ils ajoutent des contraintes, comme une masse des ailes réduite, ils retrouvent alors des sapins de Noël *(d)*.





MULTIPLEXAGE

En utilisant la méthode d'optimisation par descente de gradient, il est possible de concevoir des dispositifs photoniques comme ces multiplexeurs à deux *(a)* ou trois voies *(b)*. Dans le premier, la lumière incidente violette est séparée en rouge et bleu, chacune de ces lumières partant dans un canal différent. Dans le second, la lumière blanche est séparée en bleu, rouge et vert. La microscopie électronique à balayage permet de distinguer la structure obtenue par optimisation. On constate que celle-ci n'est pas très régulière et probablement difficile à industrialiser. En outre, certaines parties semblent *a priori* inutiles, comme les structures dans les coins à gauche du multiplexeur à trois canaux.

> Enfin, une autre structure emblématique des systèmes photoniques naturels est celle que l'on trouve sur les ailes des morphos. Le bleu de leurs ailes est d'origine interférentielle. L'architecture en question est beaucoup plus complexe qu'une structure multicouche, périodique ou non. Il s'agit d'un réseau, un ensemble de motifs périodiques qui ont la particularité, chez *Morpho rhetenor*, d'évoquer la forme de sapins de Noël. Cette structure est en chitine, le matériau transparent qui constitue la cuticule des insectes. Elle produit une réflexion assez différente de celle d'une structure multicouche.

Les structures multicouches réfléchissent la lumière comme un miroir; on parle de «réflexion spéculaire». On en retrouve sur de nombreux matériaux, à la surface de l'eau, ou même sur du bois ou du plastique. Cette réflexion n'est pas directionnelle: on voit la même couleur, peu importe l'angle sous lequel on regarde la surface. Avec un réseau, en revanche, la réflexion est directionnelle; on parle de «lumière diffractée».

Par exemple, un CD constitue un réseau, car les données y sont gravées périodiquement en formant des cercles concentriques. Quand on le regarde, on voit d'abord un miroir, la réflexion spéculaire étant importante à cause du revêtement. Puis, sous certains angles spécifiques, on voit des couleurs vives: la lumière diffractée est colorée parce qu'un réseau envoie naturellement chaque couleur dans une direction particulière. On peut facilement fabriquer des réseaux semblables à ceux des CD en les «imprimant» sur du plastique. Ils sont beaucoup plus simples que ceux des morphos. On les trouve ainsi sur des emballages, des chaussures, des billets de banque ou des cartes bancaires (ils sont souvent qualifiés d'hologrammes). L'aile du morpho se comporte comme un réseau, mais celui-ci est aussi combiné à un miroir de Bragg: il ne diffracte que le bleu. En outre, la structure n'est pas parfaite et présente un certain degré de désordre, qui fait que l'on voit le bleu sous tous les angles.

D'un point de vue évolutif, les architectures photoniques naturelles (miroir de Bragg, réseaux de diffraction, etc.) procurent un avantage important pour leur hôte. Elles permettent à ces derniers d'être mieux vus et repérés par leurs congénères (et offrent souvent de meilleures chances de reproduction). Des couleurs changeantes peuvent aussi perturber un éventuel prédateur. On comprend alors qu'au cours de millions d'années, la sélection naturelle ait favorisé l'émergence de ces structures, qui se sont progressivement optimisées.

Cependant, les problèmes que soulève la conception de composants photoniques pour les ordinateurs sont très éloignés des besoins du vivant. Pour la majorité d'entre eux, on n'a trouvé aucune solution dans la nature. Il s'agit donc de dépasser les «inventions» de l'évolution. Bien sûr, il est possible qu'elles existent et nous aient juste échappé. Les miroirs de Bragg (ou miroirs diélectriques), découverts dans les années 1950, ont été utilisés en photonique bien avant qu'on ne constate qu'ils étaient aussi abondants dans la nature. Néanmoins, le design optimal de nombreux systèmes reste une question ouverte.

DES AILES PLUS LÉGÈRES

Aujourd'hui, les chercheurs sont équipés d'ordinateurs capables de calculer la réponse optique d'une structure donnée et de déterminer comment la lumière interagit avec le système. Il est donc possible d'imaginer des stratégies qui modifient légèrement un paramètre et de voir si le dispositif est plus performant. Une idée serait d'imiter l'évolution à l'œuvre dans la nature et d'améliorer graduellement ces architectures. On parle d'«optimisation numérique».

Ces dernières années, cette activité a pris une importance pratique non négligeable dans la recherche en informatique. Par exemple, dans les réseaux de neurones artificiels, la phase d'apprentissage est une forme d'optimisation. Cette approche s'applique dans de nombreux autres domaines. En mécanique, elle est utilisée pour faire des structures plus légères, mais avec

© Avec l'aimable autorisation de Springer-Nature, S. Molesky et al., Inverse design in nanophotonics, Nature Photonics, vol. 12, pp. 659-670, 2018.

une résistance constante. En 2017, Ole Sigmund, de l'université technique du Danemark, et son équipe ont développé une méthode afin de diminuer le poids d'une aile d'avion de 2 à 5% sans réduire sa robustesse (ce qui représenterait une économie comprise entre 40 et 200 tonnes de carburant par avion et par an).

Pour optimiser un système, on commence par définir une façon d'évaluer une solution donnée – une grandeur nommée «fonction de coût». Plus la fonction de coût est élevée, plus la configuration est mauvaise – on cherche donc à trouver un jeu de paramètres qui la minimise. Pour un panneau photovoltaïque, la fonction de coût peut être l'énergie lumineuse réfléchie. En la minimisant, on améliore le rendement du panneau, car davantage de lumière est absorbée et convertie en électricité.

De façon générale, un algorithme d'optimisation part d'une ou plusieurs solutions potentielles et en engendre de nouvelles, qui seront meilleures. Imaginez un problème d'optimisation comme un paysage avec des montagnes et des vallées, dont on chercherait le point le plus bas (l'altitude jouant ici le rôle de la fonction de coût). Les coordonnées sont les paramètres sur lesquels on peut agir pour optimiser le système. À partir d'un état initial quelconque, on peut décider de suivre la pente la plus raide et de descendre, jusqu'à se retrouver dans un creux. Cette approche très naturelle et intuitive est le principe de la «descente de gradient» (*voir l'encadré page 60*). Avec de tels algorithmes, on est sûr de finir sur un minimum, mais il n'y a pas de garantie que ce minimum soit l'optimum, c'est-à-dire le minimum absolu de la fonction de coût. On trouve ainsi la vallée la plus proche, mais rien ne permet de dire si c'est bien la plus profonde. Pour cette raison, cette méthode d'optimisation est dite «locale».

Une autre possibilité est de s'inspirer plus fortement de la nature et de l'évolution. Dans les années 1960, John Holland, de l'université du Michigan, a proposé le concept d'algorithmes génétiques. Ces méthodes sont globales: elles partent d'un ensemble de points du paysage (comme une espèce partirait d'une population initiale) et les mélangent pour produire une nouvelle génération d'individus. Le programme ne conserve que les meilleurs, à l'image du principe de la sélection naturelle.

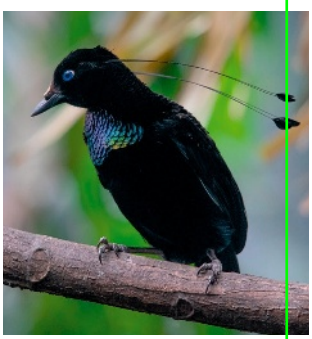
La façon de créer de nouveaux individus est au cœur de l'algorithme. Les premiers algorithmes génétiques s'inspiraient très directement de l'évolution naturelle et traitaient les coordonnées d'un point comme son code génétique. Celui-ci était converti en un nombre binaire, plus facile à manipuler. Aujourd'hui, ces algorithmes apparaissent un peu comme «folkloriques». En modifiant des bits de façon arbitraire, on obtient rarement une solution améliorée. Peu efficace, cette approche a été remplacée par des algorithmes dits «évolutionnaires» qui combinent des caractéristiques de chaque solution pour en produire des nouvelles.

SIMULER L'ÉVOLUTION

Certains algorithmes évolutionnaires ressemblent à l'évolution des bactéries: lorsqu'une mutation apparaît, elle est transmise à la descendance, mais peu d'information est échangée entre les individus d'une même génération. D'autres algorithmes sont plus proches de l'évolution sexuée, car de l'information s'échange entre individus, comme lors d'une fécondation, où du matériel génétique est mis en commun (*voir l'encadré page 60*). À la fin des années 1990, les ingénieurs Kenneth Price et Rainer Storn ont élaboré une méthode reposant sur cette dernière approche et nommée «évolution différentielle».

Pour concevoir des structures photoniques, les techniques d'optimisation se sont surtout inspirées de celles utilisées en mécanique, qui reposent essentiellement sur des méthodes de gradient. Elles sont très efficaces et produisent des architectures nouvelles et surprenantes. On constate cependant que ces structures sont souvent complexes et irrégulières (*voir la figure page 58*). Par conséquent, il n'est pas toujours facile de comprendre le rôle de chaque élément du système. Certaines parties donnent parfois l'impression d'être inutiles et pourraient être supprimées sans altérer le fonctionnement global. En outre, la complexité du rendu est dans certains cas un obstacle pour son industrialisation. L'efficacité de ces approches semble se faire au détriment d'une étape de simplification. Or les structures que l'on observe dans la nature ont plutôt tendance à être simples et élégantes. Comment expliquer cette différence? Une hypothèse est qu'un système biologique soumis à diverses contraintes produirait à moindre coût et plus facilement des structures régulières.

Pour tester cette hypothèse, avec nos collègues, nous avons voulu voir s'il était possible de reproduire les structures observées dans la nature en imposant certaines contraintes à l'algorithme d'optimisation. Nous avons commencé par la question la plus simple: quelle structure multicouche réfléchit le mieux la lumière à une longueur d'onde donnée? Dans les années 1990, ce problème avait déjà été abordé avec des algorithmes génétiques de l'époque. Mais les résultats obtenus ne présentaient pas spécialement de régularité. En nous appuyant sur les algorithmes évolutionnaires les plus récents (des variantes de l'évolution différentielle), nous leur avons imposé une seule contrainte – utiliser des indices de réfraction dans un intervalle correspondant à celui des matériaux biologiques. Avec les algorithmes modernes, le constat a été immédiat et sans équivoque: la meilleure structure possible est >



LE SUPERNOIR DES OISEAUX DE PARADIS

Les insectes ne sont pas les seuls animaux à présenter des effets photoniques spectaculaires. Chez le mâle du paradisier de Wahnes (*Parotia wahnesi*), certaines parties du plumage ont un coefficient d'absorption de la lumière visible compris entre 99,69 % et 99,95 %. En 2018, Dakota McCoy, de l'université Harvard, et ses collègues ont montré que les barbules (les filaments qui bordent les barbes des plumes) sont courbées et portent des picots micrométriques. Ce réseau dense piège la lumière avec une efficacité comparable à certains matériaux artificiels.

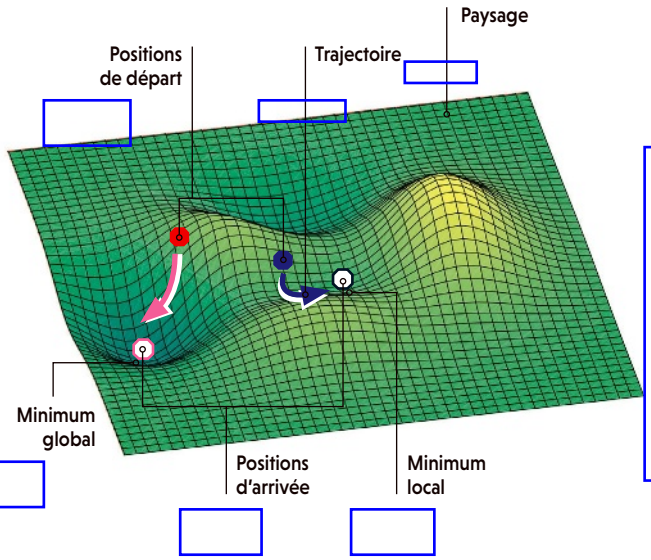
© Shutterstock.com/Raj Smith

ALGORITHMES D'OPTIMISATION

Pour illustrer les méthodes d'optimisation, considérons un système dépendant de deux paramètres et définissons une fonction de coût, la grandeur à optimiser. Nous pouvons alors visualiser ce problème comme un « paysage » dont les deux variables sont les coordonnées et la fonction de coût est l'altitude. Un point sur ce paysage correspond à une configuration du système et plus sa hauteur est faible, plus le système est optimisé. Le problème revient à trouver le minimum dans un paysage, qui n'est évidemment pas connu *a priori*. Différentes approches d'optimisation ont été développées au cours des dernières décennies.

DESCENTE DE GRADIENT

Cet algorithme est le plus simple et le plus utilisé. Il consiste à calculer les variations de la fonction de coût autour du point de départ quand on varie les paramètres. Cela revient à suivre la pente descendante la plus forte dans le paysage. Une « vallée » – un minimum – finit toujours par être atteinte. Mais ce minimum « local » n'est peut-être pas le plus profond de tout le paysage *(à l'image de la trajectoire bleue ci-contre)*.

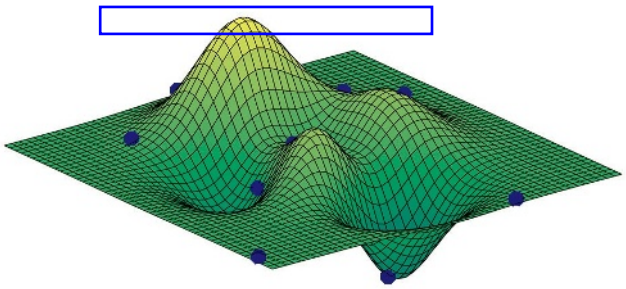


ALGORITHME GÉNÉTIQUE

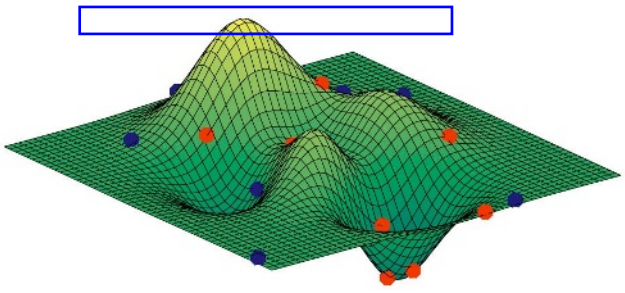
L'idée s'inspire de la biologie. On commence par une population dont on encode en binaire (une suite de 0 et de 1) les paramètres pour en faire une sorte d'ADN. Le matériel « génétique » de cette population est combiné de façon à créer de nouveaux individus, dont on ne garde que ceux qui améliorent la fonction de coût. La démarche, assez arbitraire dans le mélange des caractéristiques, conduit à un algorithme peu efficace.

ALGORITHME ÉVOLUTIONNAIRE

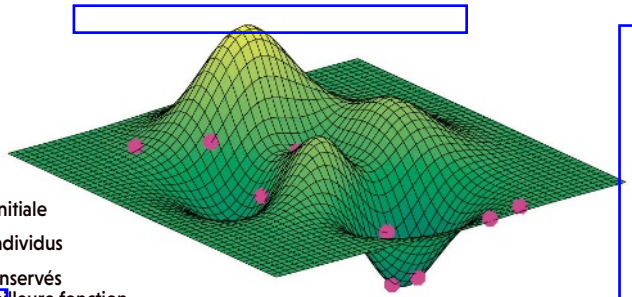
❶ INITIALISATION DE LA POPULATION



❷ GÉNÉRATION DE NOUVEAUX INDIVIDUS



❸ SÉLECTION DE LA NOUVELLE GÉNÉRATION



- Population initiale
- Nouveaux individus
- Individus conservés avec une meilleure fonction de coût

Une population d'individus parents est aléatoirement répartie sur le paysage ❶. Des individus « mutants » sont créés par le déplacement d'un parent d'un pas dans la direction vers le meilleur individu et d'un pas dans une direction inspirée par deux individus choisis au hasard ❷. Ce dernier élément permet d'explorer un peu le paysage en intégrant un aspect aléatoire à la démarche tout en tendant vers une solution déjà plus efficace. Si le nouvel individu, « l'enfant », est meilleur que le parent, il le remplace dans la population ❸. Le processus est itéré sur la nouvelle population jusqu'à obtenir une solution optimale. En partageant de l'information entre individus, cette approche reproduit certaines caractéristiques de l'évolution sexuée.

© P. Bennet et A. Moreau

> un miroir de Bragg dont les indices de réfraction sont situés dans les limites de ce que nous avions prescrit et avec la couche la plus externe présentant l'indice optique le plus élevé.

Lors de cette étude, nous avons augmenté progressivement le nombre de couches de la structure à optimiser. Jusqu'à 20 couches, le résultat était parfait. Au-delà, on a vu émerger un certain désordre, signe que le problème devenait difficile à traiter pour les algorithmes, puisqu'il s'agissait alors de trouver un optimum dans un espace à 40 dimensions (2 paramètres pour chaque couche, l'épaisseur et l'indice).

Quand nous avons imposé aux algorithmes de réaliser un miroir qui réfléchit une longueur d'onde donnée mais qui commence par l'indice optique le plus bas, nous avons observé un résultat étonnant. Nous obtenions des miroirs de Bragg, mais avec une première couche deux fois plus épaisse. Cette solution se comprend bien, car, en général, une couche ayant un indice intermédiaire entre l'air et le milieu d'indice haut constitue un antireflet, exactement comme celui que l'on trouve sur des verres de lunettes. Un tel antireflet sur un miroir de Bragg agirait de façon contraire à l'objectif… Cependant, la double épaisseur de la première couche (correspondant à la longueur d'onde divisée par deux) fait presque oublier sa présence d'un point de vue optique. Et l'on retrouve effectivement cette structure chez certains scarabées bijoux

L'optimisation numérique est aussi un outil pour mieux comprendre les structures naturelles

(*Chrysochroa fulgidissima*, aux reflets rouges et verts). Sans doute pour des raisons biologiques, l'insecte a comme contrainte de commencer par le milieu d'indice faible, et cette contrainte conduit à l'émergence d'une première couche caractéristique d'épaisseur double.

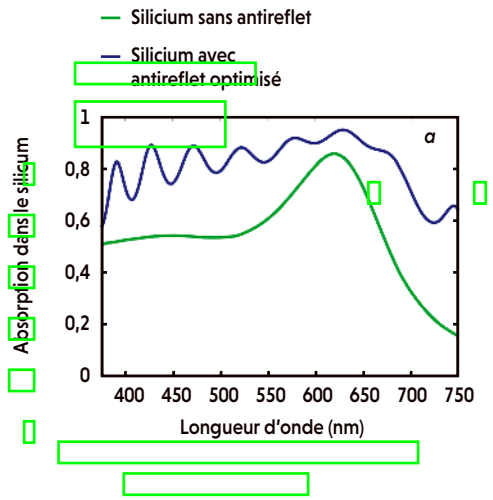
Nous avons alors compliqué le problème en cherchant un système multicouche qui réfléchit un spectre plus large que celui d'un miroir de Bragg, toujours avec le même intervalle d'indices de réfraction. Là encore, les algorithmes ont retrouvé la solution du miroir à gradient, exactement comme sur la casside dorée. Cette structure est intéressante parce qu'elle est typiquement modulaire: les différentes longueurs d'onde qui composent la lumière blanche sont réfléchies à des endroits distincts de la structure (*voir l'encadré page 56*). Chaque partie du système a un rôle spécifique, même si elle n'est pas strictement indépendante du dispositif global.

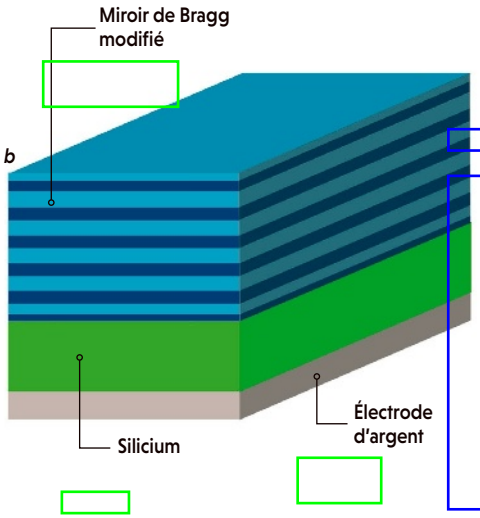
Nous nous sommes ensuite penchés sur le cas du morpho. Des outils numériques assez simples sont capables de calculer numériquement comment la lumière se réfléchit sur des structures périodiques – les réseaux de diffraction – telles celles en forme de sapins présentes sur les ailes des morphos. Ces structures sont comparables à des empilements de blocs de chitine d'épaisseur et de largeur différentes entourés d'air. À partir de ces algorithmes, nous avons cherché comment disposer des blocs suivant un motif périodique de façon à réfléchir le bleu et à le diffracter au maximum, tout en conservant une réflexion spéculaire le plus réduite possible, et sans ajouter d'autres contraintes.

Les calculs ont produit une structure qui juxtapose des empilements réguliers de blocs de chitine. On parle de «disposition interdigitée» (comme l'entrelacement des doigts quand on joint les deux mains). La ressemblance avec les sapins caractéristiques des morphos est assez lointaine. Cette configuration est responsable de l'annulation importante de la réflexion spéculaire. À la longueur d'onde de 450 nanomètres, la structure est capable de réfléchir 98% de la lumière, mais exclusivement suivant des modes de diffraction, et une quantité négligeable en réflexion spéculaire, d'habitude dominante. D'un point de vue optique, cette architecture est bien meilleure que celle du papillon. Peut-on néanmoins retrouver celle du papillon?

Pour ce faire, nous avons diminué l'importance des contraintes optiques pour inclure d'autres critères, comme la légèreté de la structure et des contraintes de fabrication (il faut bien que les blocs soient situés l'un au-dessus de l'autre pour tenir ensemble). En imposant un compromis entre propriétés optiques et mécaniques, nous avons retrouvé des structures qui ressemblent à celles du morpho (*voir l'encadré page 57*). Par ailleurs, ce résultat montre que l'optimisation numérique est aussi un outil pour mieux comprendre les structures naturelles: si nous obtenons une structure existante, c'est que nous avons probablement compris les contraintes qui l'ont fait naître, alors que sans cette approche, nous en serions en général réduits à émettre des hypothèses sans vraiment pouvoir les vérifier.

Ayant ainsi constaté que les algorithmes évolutionnaires modernes retrouvent effectivement les structures naturelles, nous avons voulu les tester sur un problème tel qu'on pourrait en >





PANNEAU SOLAIRE

Pour améliorer l'efficacité d'un panneau solaire photovoltaïque, les auteurs et leurs collègues ont utilisé un algorithme évolutionnaire afin de trouver une structure antireflet à appliquer sur la surface. Ils ont obtenu un miroir de Bragg légèrement modifié *(b)* qui réfléchit bien les grandes longueurs d'onde (l'infrarouge) et laisse passer la lumière visible *(a)*. Cette dernière est alors absorbée de façon maximale dans la couche de silicium pour être convertie en électricité.

> rencontrer quand on cherche à concevoir un système photonique. Par exemple, nous avons voulu identifier une structure multicouche qui améliorerait la conversion de la lumière en électricité dans un panneau photovoltaïque, en lui imposant les mêmes contraintes, en termes d'indices optiques, que celles trouvées dans les structures naturelles. Bref, nous avons cherché à deviner ce que la nature aurait fait si elle avait eu à fabriquer un antireflet pour une cellule photovoltaïque.

Le résultat semble paradoxal en apparence : nous avons obtenu un miroir de Bragg légèrement modifié. C'est paradoxal parce qu'un miroir de Bragg réfléchit très bien la lumière ; il ne vient donc pas spontanément à l'idée de l'utiliser comme antireflet. Ici, cependant, les caractéristiques de la structure sont telles qu'elle réfléchit efficacement la lumière infrarouge et laisse passer le rayonnement visible, affichant une absorption par le silicium plus élevée qu'avec un antireflet standard. Nous avons fabriqué cette structure et vérifié qu'elle était bien efficace (le rendement théorique passe de 56% sans antireflet à 74% avec un antireflet simple et 80% avec notre antireflet). Néanmoins, cette structure est complexe et plus coûteuse à produire qu'un antireflet usuel, et son utilité réelle est donc soumise à débat. La conclusion de cette expérience est que l'optimisation est un outil d'exploration riche, qui produit des structures analysables *a posteriori* et utilisables comme source d'inspiration.

Actuellement, une limite de l'optimisation globale est qu'elle demande beaucoup plus de temps de calcul qu'une descente de gradient et n'est donc pas encore en mesure de s'attaquer aux dispositifs photoniques complexes recherchés pour améliorer les processeurs. Mais les progrès vont vite dans ce domaine et nous avons bon espoir d'y parvenir un jour.

La nature nous a fourni des exemples de systèmes photoniques qui nous ont servi de guides et de modèles pour nos programmes d'optimisation. Une constatation intéressante est que l'algorithme le plus efficace pour produire des structures régulières et élégantes est celui de l'évolution différentielle. Cet algorithme s'inspire de l'évolution sexuée, en procédant à de l'échange d'information entre les individus pour créer les générations suivantes. Il est bien adapté pour des problèmes modulaires, comme on en retrouve souvent en photonique, parce qu'il est conçu pour combiner des éléments de différentes structures et les optimiser de façon presque indépendante.

L'EFFICACITÉ DE LA REPRODUCTION SEXUÉE

Bien sûr, une optimisation par un algorithme évolutionnaire n'est pas strictement la reproduction fidèle de l'évolution naturelle. Mais nos résultats montrent que l'évolution a parfois eu le même rôle qu'une procédure d'optimisation. Elle a en effet mené à de véritables solutions optimales au sens mathématique, comme le miroir de Bragg. Ces observations permettent donc de mieux comprendre comment des structures si extraordinaires ont émergé. Pour finir, ces résultats dans le domaine de la photonique offrent peut-être un éclairage original sur un problème en biologie qui n'est toujours pas tranché : on ne saisit pas à l'heure actuelle la raison d'être de la reproduction sexuée, un processus en apparence très coûteux comparé aux autres modes de reproduction.

Une hypothèse, avancée notamment dans les années 1930 par Ronald Fisher et Hermann Muller, semble aller dans le sens de ce que l'on constate dans l'optimisation en photonique : les populations ayant une reproduction sexuée évoluent plus vite. En permettant un échange de gènes entre individus, ce mode de reproduction accélère l'évolution des problèmes modulaires que sont tous les animaux, jusqu'à mener, entre autres, aux solutions photoniques si extraordinaires observées sur le dos des mouches vertes, de la casside dorée ou encore sur les ailes du papillon morpho. ■

BIBLIOGRAPHIE

P. Bennet *et al.*, **Analysis and fabrication of antireflective coating for photovoltaics based on a photonic-crystal concept and generated by evolutionary optimization,** *Physical Review B,* vol. 103, article 125135, 2021.

M. A. Barry *et al.*, **Evolutionary algorithms converge towards evolved biological photonic structures,** *Scientific Reports,* vol. 10, article 12024, 2020.

S. Molesky *et al.*, **Inverse design in nanophotonics,** *Nature Photonics,* vol. 12, pp. 659-670, 2018.

S. Berthier, **Des insectes à la photonique,** *Pour la Science,* n° 401, pp. 32-39, mars 2011.

A. Gondarenko, **Spontaneous emergence of periodic patterns in a biologically inspired simulation of photonic structures,** *Physical Review Letters,* vol. 96, article 143904, 2006.

© A. Moreau

POUR LA SCIENCE

Édition française de Scientific American

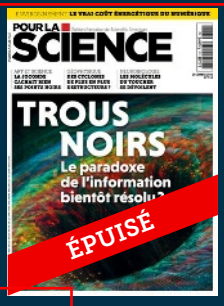
COMPLÉTEZ VOTRE COLLECTION DÈS MAINTENANT !

N° 522 (Avril 21)
réf. PL522

N° 521 (Mars 21)
réf. PL521

N° 520 (Fév 21)
réf. PL520

N° 519 (Jan 21)
réf. PL519



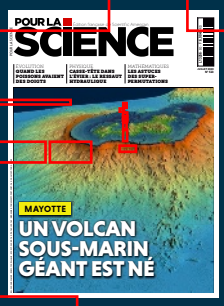
N° 518 (Déc. 20)
réf. PL518

N° 517 (Nov. 20)
réf. PL517

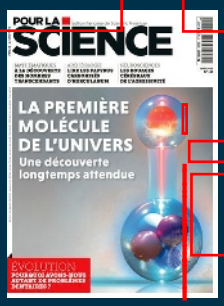
N° 516 (Oct. 20)
réf. PL516

N° 515 (Sept. 20)
réf. PL515

N° 514 (Août 20)
réf. PL514



N° 513 (Juill. 20)
réf. PL513



N° 512 (Juin 20)
réf. PL512

N° 511 (Mai 20)
réf. PL511

À retourner accompagné de votre règlement à :

Service Abonnement Pour la Science – 56 rue du Rocher – 75008 Paris – serviceclients@groupepourlascience.fr

☑ **OUI, je commande des numéros de Pour la Science, au tarif unitaire de 9,40 €**

1 / JE REPORTE CI-DESSOUS LES RÉFÉRENCES à 5 chiffres correspondant aux numéros commandés :

1e réf. 0 1 x 9,40 € = 9,40 €
2e réf. ..... x 9,40 € = ... €
3e réf. ..... x 9,40 € = ... €
4e réf. ..... x 9,40 € = ... €
5e réf. ..... x 9,40 € = ... €
6e réf. ..... x 9,40 € = ... €

TOTAL À RÉGLER ..... €

Groupe Pour la Science – Siège social : 170 bis, boulevard du Montparnasse, CS20012, 75680 Paris Cedex 14 – Sarl au capital de 32000 € – RCS Paris B 311 797 393 – Siret : 311 797 393 000 23 – APE 5814 Z

2 / J'INDIQUE MES COORDONNÉES

☐ M. ☐ Mme
Nom : .....
Prénom : .....
Adresse : .....
.....
Code postal ..... Ville : .....
Téléphone .....
Courriel : .....
J'accepte de recevoir les offres de Pour la Science ☐ OUI ☐ NON

3 / JE CHOISIS MON MODE DE RÈGLEMENT

☐ **Par chèque** à l'ordre de *Pour la Science* en nous retournant ce bulletin complété

Pour retrouver tous nos numéros et effectuer un paiement par carte bancaire, rendez-vous sur boutique.groupepourlascience.fr

Offre valable jusqu'au 31/12/2021 en France Métropolitaine uniquement.

Les prix affichés incluent les frais de port et les frais logistiques. Les informations que nous collectons dans ce bulletin d'abonnement nous aident à personnaliser et à améliorer les services que nous vous proposons. Nous les utiliserons pour gérer votre accès à l'intégralité de nos services, traiter vos commandes et paiements, et vous faire part notamment par newsletters de nos offres commerciales moyennant le respect de vos choix en la matière. Le responsable du traitement est la société *Pour La Science*. Vos données personnelles ne seront pas conservées au-delà de la durée nécessaire à la finalité de leur traitement. *Pour la Science* ne commercialise ni ne loue vos données à caractère personnel à des tiers. Les données collectées sont exclusivement destinées à *Pour la Science*. Nous vous invitons à prendre connaissance de notre charte de protection des données personnelles à l'adresse suivante : https://rebrand.ly/charte-donnees-pls. Conformément à la réglementation applicable (et notamment au Règlement 2016/679/UE dit « RGPD ») vous disposez des droits d'accès, de rectification, d'opposition, d'effacement, à la portabilité et à la limitation de vos données personnelles. Pour exercer ces droits (ou nous poser toute question concernant le traitement de vos données personnelles), vous pouvez nous contacter par courriel à l'adresse protection-donnees@pourlascience.fr.

L'ESSENTIEL

> En juin 1981, une équipe américaine rapporta plusieurs pathologies inhabituelles chez de jeunes hommes homosexuels.

> Deux ans plus tard, le virus du sida était identifié.

> L'enquête sur l'origine du virus a commencé dès cette époque, s'appuyant d'abord sur la dynamique du nombre de cas dans le monde, puis sur l'analyse génétique des souches virales répertoriées et de leurs liens de parenté.

> Les dernières zones d'ombre ont été levées récemment. Le virus du sida serait passé du chimpanzé à l'humain vers 1930 au Cameroun. Il aurait alors diffusé d'abord en Afrique, puis aux États-Unis au gré des mutations sociales des humains.

L'AUTEUR

FRANCIS BARIN
professeur émérite de l'université de Tours et membre honoraire de l'institut universitaire de France, rattaché à l'unité Inserm Morphogenèse et antigénicité du VIH et des virus des hépatites

Sur les traces de l'origine du sida

Il y a quarante ans, le monde médical repérait les premiers cas de sida. Mais d'où venait le virus ? Il a fallu attendre la fin des années 2010 pour clore l'enquête sur l'origine de la pandémie.

Le 5 juin 1981, des cliniciens de la côte ouest américaine rapportaient, dans le *Morbidity and Mortality Weekly Report* des Centres américains pour le contrôle et la prévention des maladies, plusieurs cas de pathologies « opportunistes » chez de jeunes hommes homosexuels. Ce terme désigne des maladies sévères que l'on ne rencontre habituellement que chez des personnes dont le système immunitaire est déficient. Ils venaient de découvrir ce qui, un an plus tard, serait appelé « sida » – acronyme de syndrome d'immunodéficience acquise.

Aujourd'hui, plusieurs dizaines de millions de personnes dans le monde sont porteuses du virus du sida (VIH, pour virus de l'immunodéficience humaine) – près de 40 millions en 2017, selon l'Organisation mondiale de la santé (OMS). On estime aussi que 40 millions de personnes sont mortes de cette pathologie depuis le début de la pandémie. Sans traitement adapté, les chances de survie au-delà de dix ans après la contamination sont infimes. D'où vient ce virus ? Pourquoi une telle émergence au XX^e siècle ? Dès le début de l'épidémie, médecins et biologistes ont tenté de répondre à ces questions. Peu à peu, ils ont remonté la piste de l'origine de cette maladie et, aujourd'hui, grâce aux nombreux travaux réalisés, un scénario clair émerge. À l'heure où l'enquête sur l'origine de la pandémie de Covid-19 n'en est qu'à ses débuts, l'histoire de cette investigation se révèle riche d'enseignements.

LA PISTE AFRICAINE ET L'ÉNIGME HAÏTIENNE

D'emblée, les observations initiales et leurs particularités ont permis de développer des hypothèses quant à l'origine du sida. Tout d'abord, la rapide augmentation des cas constatée aux États-Unis au début des années 1980 a vite fourni des statistiques suffisantes pour identifier des populations au sein desquelles la maladie se développait : homosexuels masculins (hommes ayant des relations sexuelles avec des hommes ou HSH), héroïnomanes (usagers de drogues injectables), hémophiles (et personnes transfusées) et Haïtiens, d'où la dénomination commune à cette époque de « maladie des 4H ». S'appuyant sur ce constat, les médecins ont rapidement suggéré les modes de transmission de la maladie : transmission sexuelle (HSH) et par le sang (usagers de drogues injectables et sujets polytransfusés). La question du « pourquoi les Haïtiens », cependant, restait une énigme. >

Dès les années 1980, les recherches sur le sida se sont multipliées dans le monde, comme ici dans un Centre américain pour le contrôle et la prévention des maladies, en 1988.

© Avec l'aimable autorisation des CDC

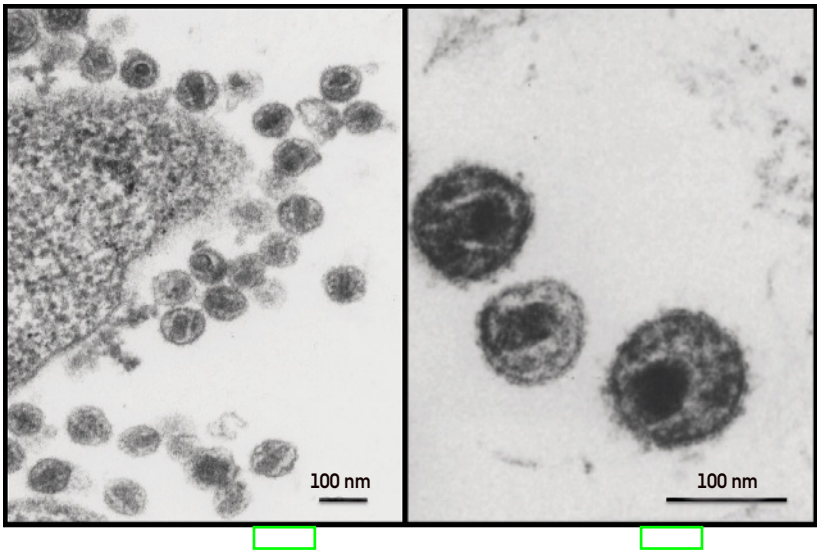
> La découverte de l'agent responsable de l'épidémie, le virus de l'immunodéficience humaine (VIH), est survenue peu après. En 1983, Françoise Barré-Sinoussi et Luc Montagnier, à l'institut Pasteur, et leurs collègues, ont réussi à identifier des particules virales dans des cellules immunitaires d'un patient à un stade précoce de la maladie. Un an plus tard, plusieurs équipes américaines ont confirmé le rôle du virus dans la survenue du sida.

Parallèlement, à la même période, on constatait de nombreux cas de sida sur le continent africain, notamment au Zaïre (désormais République démocratique du Congo, RDC) et dans les pays voisins des grands lacs (Burundi, Kenya, Ouganda, Rwanda, Tanzanie), ainsi que dans les Caraïbes, tout particulièrement en Haïti. Bon nombre de cas étaient aussi diagnostiqués en Europe chez des patients originaires de ces mêmes pays – notamment en France, Belgique et Angleterre, du fait des liens entre anciennes puissances coloniales et pays anciennement colonisés –, ce qui renforçait l'idée que le continent africain était particulièrement concerné.

Au milieu des années 1980, l'épidémie semblait donc avoir deux visages : une épidémie restreinte à certaines populations ou liée à certains facteurs de risque dans les pays industrialisés – l'Europe, le Japon et l'Australie présentant les mêmes caractéristiques épidémiologiques que les États-Unis, mais décalées dans le temps – et une épidémie généralisée en Afrique subsaharienne.

Les chercheurs, notamment épidémiologistes, s'interrogeaient alors sur l'ampleur du phénomène, sa dynamique, voire la datation de son émergence. Les réponses sont arrivées quelques années plus tard, grâce au développement, en 1985, de tests de diagnostic de l'infection. Ces tests détectent des anticorps dirigés contre le VIH, marqueurs de l'infection, d'où la dénomination de séropositif pour tout sujet ayant de tels anticorps dans le sang (plus précisément dans le sérum ou le plasma) et donc porteur du virus. Un avantage de ces tests réside dans le fait qu'il est possible de « remonter le temps » en réalisant la recherche des anticorps anti-VIH dans des sérums prélevés des années plus tôt et conservés congelés sous forme de collections biologiques (ou sérothèques).

Ainsi, en 1993, les équipes de Roel Coutinho, du département de santé publique néerlandais, à Amsterdam, et de Cladd Stevens, du New York Blood Center, ont analysé rétrospectivement des sérums congelés obtenus entre 1978 et 1990 chez des HSH dans le cadre d'essais cliniques de vaccination contre l'hépatite B. Elles ont ainsi montré la cinétique d'émergence et de diffusion du VIH dans trois villes touchées précocement au cours de l'épidémie « occidentale », San Francisco, New York et Amsterdam. Ces données suggéraient clairement l'émergence du VIH à la fin des années 1970 et au tout début des années 1980 dans la communauté gay américaine, avec une prévalence d'infection de 14 % à San Francisco et New York dès 1980, et l'arrivée plus tardive du virus en Europe (*voir la figure page ci-contre*).



Observées en microscopie électronique, les particules du virus du sida *(à gauche, sortant d'une cellule)* présentent à l'intérieur une forme conique caractéristique : la capside, une sorte de boîte protéique contenant le génome viral. Sur l'enveloppe virale, on devine les spicules de glycoprotéines par lesquels le virus s'attache aux cellules cibles.

Parallèlement, les études séroépidémiologiques rétrospectives réalisées sur le continent africain ont montré que le VIH était déjà fortement présent dès 1980 dans les populations très exposées sexuellement de certaines capitales d'Afrique équatoriale, avec une augmentation très rapide de sa prévalence entre 1975 et 1985 (*voir la figure page ci-contre*). Le virus était moins présent dans la population générale, mais une étude réalisée chez des femmes enceintes à Kinshasa, aujourd'hui en RDC (à l'époque au Zaïre) a montré que la prévalence de séropositivité était passée de 0,1 % en 1970 à 3 % en 1980-1981, puis 8 % en 1985-1986.

L'échantillon de sérum contenant des anticorps anti-VIH le plus ancien connu provient d'ailleurs de cette même ville. André Nahmias, spécialiste de l'herpès génital à l'université Emory, à Atlanta, et ses collègues l'ont identifié en 1986 dans le cadre d'une étude sérologique rétrospective de leurs échantillons. Le sérum, dénommé ZR59, avait été obtenu en 1959 à Kinshasa.

UNE ORIGINE SIMIENNE

Ainsi, le VIH aurait circulé à bas bruit dans la population humaine en Afrique équatoriale, notamment au Zaïre-RDC, de la fin des années 1950 au début des années 1970, pour y diffuser extrêmement rapidement dans la seconde moitié de cette décennie avant d'atteindre le monde occidental – en premier lieu les États-Unis, puis l'Europe.

S'il est vite apparu que le VIH avait circulé sur le continent africain avant d'atteindre le reste du monde, il était nécessaire de

© Clichés : B. Arbeille et J.-L. Romet-Lemonne, unité de microscopie électronique, CHRU et Université de Tours

comprendre d'où avait pu émerger ce virus. L'hypothèse d'une transmission interespèces du singe à l'humain a été émise dès 1985 lors de l'identification d'un virus apparenté au VIH chez des singes en captivité. Les équipes de Ron Desrosiers et Max Essex, à l'université Harvard, à Boston, avaient isolé ce premier virus simien identifié, dénommé SIVmac (SIV pour *Simian immunodeficiency virus*), chez des macaques d'un centre de primatologie de Nouvelle-Angleterre. Il s'est révélé par la suite que le macaque n'était pas l'hôte naturel du SIV: les macaques de ce centre de primatologie avaient été infectés en captivité par des mangabeys (*Cercocebus atys*), petits singes originaires des savanes d'Afrique de l'Ouest.

De nombreuses études ont alors été entreprises afin d'identifier les espèces de primates susceptibles de porter naturellement des lentivirus apparentés au VIH. La caractérisation du VIH avait en effet montré qu'il s'agit d'un virus à ARN de la famille des rétrovirus appartenant au genre des lentivirus, connus pour leur longue période d'incubation et pour tuer les cellules qu'ils infectent. Il résulte de ces travaux que plusieurs dizaines d'espèces de singes sont porteuses de SIV. Ces virus sont apparentés, mais tous différents, chaque espèce de singe ayant probablement coévolué avec son espèce de SIV. Une particularité est que seuls les singes du continent africain sont porteurs de SIV: aucun lentivirus n'a été identifié jusqu'à présent chez les singes dont l'habitat naturel est hors d'Afrique (Asie, Amérique), ce qui conforte une origine africaine du virus.

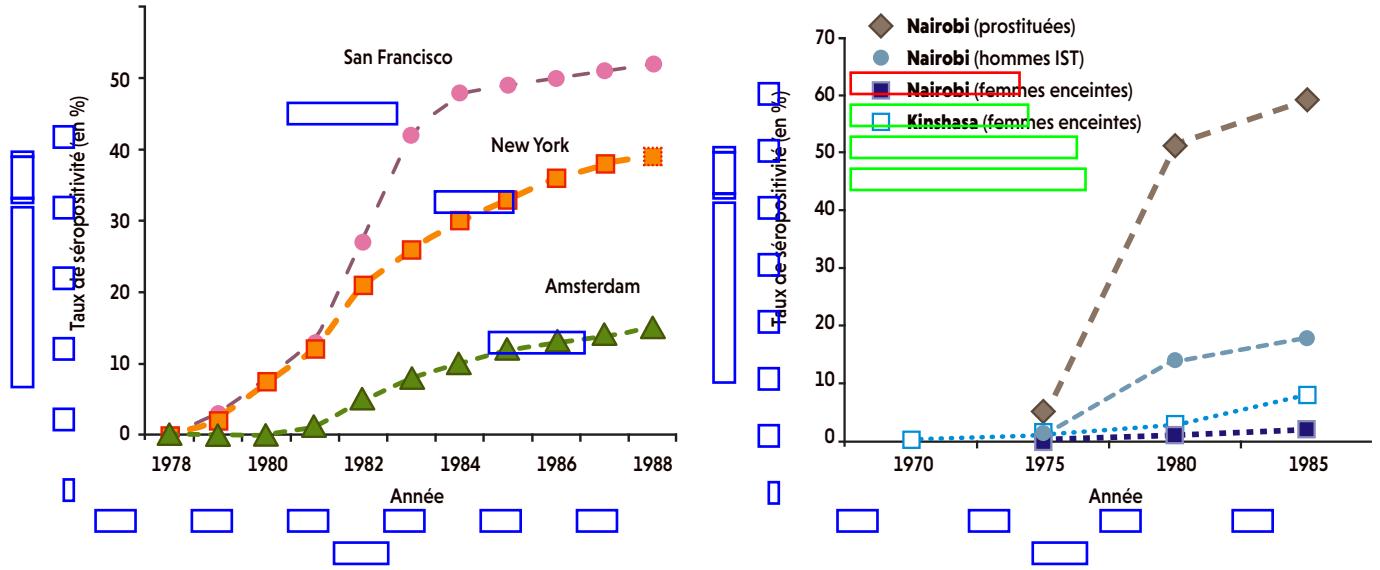
Mais revenons en 1985. Cette même année, une autre observation était venue renforcer l'hypothèse de l'origine simienne du VIH. Dans le cadre d'une collaboration entre notre équipe et celles de Souleymane M'Boup, au Sénégal, et de Max Essex, à Boston, nous avions découvert, sur la base d'éléments sérologiques, qu'il existait un second VIH chez l'humain, prévalent en Afrique de l'Ouest et très proche d'un SIV. L'identification de ce second virus suggérait que plusieurs SIV étaient peut-être passés du singe à l'humain. Elle a aussi amené à modifier la nomenclature et à parler de VIH-1 pour le premier virus identifié, et de VIH-2 pour le second. Si les deux virus sont associés au sida, leurs caractéristiques physiopathologiques et épidémiologiques sont différentes. Le VIH-1, très pathogène, est responsable de la pandémie, alors que le VIH-2 conduit au sida moins rapidement (il est moins pathogène) et est beaucoup moins transmissible, ce qui explique sa diffusion relativement faible dans le monde.

UNE CLASSIFICATION DES VIH ET DES VIRUS SIMIENS APPARENTÉS

Quelques années plus tard, un autre élément fondateur a conforté l'hypothèse de l'origine simienne des VIH. À partir de 1989, plusieurs équipes ont découvert, chez le chimpanzé, des souches de SIV (SIVcpz) génétiquement très proches du VIH-1. Par la suite, des études remarquables fondées sur la récolte de prélèvements issus de grands singes (chimpanzés et gorilles) dans leur habitat naturel ont permis d'identifier la diversité génétique des SIV. Parallèlement à ces études chez le singe, de vastes analyses moléculaires réalisées dès la fin des années 1980 sur les souches de VIH isolées de par le monde chez l'humain ont montré la très grande diversité génétique du VIH, qu'il s'agisse du VIH-1 ou du VIH-2. C'est ainsi que, peu à peu, une classification des VIH et des SIV s'est dessinée, s'appuyant sur l'examen des séquences génétiques virales, continuellement enrichi par les travaux de nombreuses équipes, et des analyses de phylogénie, c'est-à-dire des études des liens de parenté entre espèces (*voir l'encadré page 68*).

Depuis la fin des années 2000, il est clairement établi qu'il existe 4 groupes de VIH-1 >

L'analyse rétrospective de sérums congelés prélevés chez des homosexuels masculins de 1978 à 1988 à San Francisco, New York et Amsterdam a montré que le VIH s'est vite répandu dans la première moitié des années 1980 *(à gauche)*. Des études similaires menées sur différentes populations africaines ont révélé la rapidité de la diffusion du virus dans la seconde moitié des années 1970 chez les personnes à risque de transmission d'infections par voie sexuelle *(à droite)*. À Nairobi, au Kenya, 4 % des prostituées étaient séropositives en 1975, contre environ 60 % en 1985. De même, la prévalence de l'infection par le VIH chez les hommes consultant pour infection sexuellement transmissible (IST) – syphilis, gonococcie, chancre mou… – dans cette ville est passée de 1 % à 18 % entre 1975 et 1985.



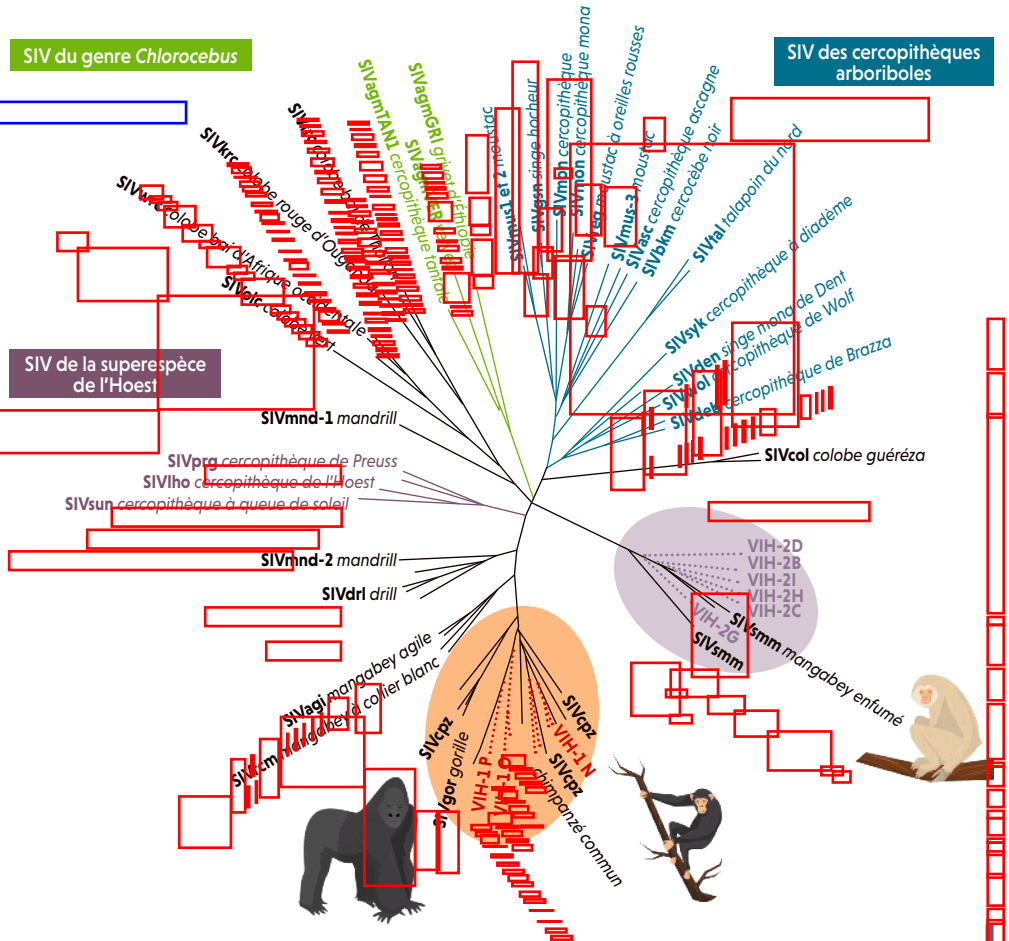
© Pour la Science ; sources : G. J. P. Van Griensven et al., JAMA, vol. 137, pp. 909-915, 1993 (à gauche) et T. C. Quinn et al., Science, vol. 234, pp. 955-963, 1986 (à droite)

> (notés M, N, O et P) et 8 groupes de VIH-2 (de A à H), chaque groupe étant apparenté à un virus simien. En conclusion, les VIH-1 M et N ne sont rien d'autre que des SIV du chimpanzé (SIVcpz), les VIH-1 O et P sont des SIV trouvés chez le gorille des plaines (SIVgor), et les VIH-2 des 8 groupes A à H sont des SIV infectant le mangabey (SIVsmm). L'existence de 4 groupes de VIH-1 et de 8 groupes de VIH-2 est en faveur de 4 événements initiaux de transmission du VIH-1 du singe (chimpanzé ou gorille) à l'humain et de 8 événements de transmission du VIH-2 du mangabey à l'humain. Il est désormais communément admis que les transmissions du singe à l'humain sont probablement survenues du fait de pratiques de la chasse pour la «viande de brousse».

Pour des raisons qui demeurent incomplètement élucidées, mais probablement liées aux propriétés intrinsèques de certains gènes de chacun des types et groupes de VIH, seul le VIH-1 du groupe M a diffusé de par le monde et est responsable de la pandémie. On peut penser qu'il s'agit d'une parfaite adaptation du VIH-1M à l'humain, lors du franchissement de la barrière d'espèce qui a permis sa propagation, alors que le VIH-2 et les autres groupes du VIH-1 (N, O et P) paraissent beaucoup moins adaptés.

Quoi qu'il en soit, le fait que plusieurs événements de transmission interespèces se soient produits nous rappelle que l'histoire des virus et des espèces animales qui les hébergent est un continuum de coévolution: les relations entre différentes espèces animales conduisent

UN RÉSERVOIR NATUREL TRÈS DIVERSIFIÉ CHEZ LES PRIMATES



L'analyse phylogénétique des séquences génétiques virales des souches de virus de l'immunodéficience simienne (SIV) prélevées sur des singes dans leur habitat naturel a révélé une grande diversité génétique de ces lentivirus et montré l'origine zoonotique du VIH-1 et du VIH-2 *(ci-contre)*. Les différents groupes de VIH-1 (M, N, O, P) apparaissent en effet sur le même embranchement que les SIVcpz du chimpanzé et SIVgor du gorille, tandis que les différents groupes de VIH-2 sont sur le même embranchement que les SIVsmm du mangabey *(seuls quelques-uns de ces huit groupes sont représentés ici)*.

Chaque espèce de primate est l'hôte naturel d'un SIV spécifique à l'espèce. Parfois, les SIV ne sont même présents que sur une portion du territoire du primate hôte. C'est le cas des SIVcpz et SIVgor, qui sont présents chez les grands singes d'une zone géographique restreinte, presque exclusivement le quart sud-est du Cameroun, et du SIVsmm, restreint à l'Afrique de l'Ouest. On note d'ailleurs une parfaite superposition géographique entre la présence du VIH-2 chez l'humain et l'habitat du mangabey d'Afrique de l'Ouest. En effet, le VIH-2, qui a peu diffusé dans le monde, est quasi exclusivement présent en Afrique de l'Ouest et, lorsque retrouvé en dehors de cette région du monde, quasi exclusivement chez des ressortissants ou sujets originaires de pays d'Afrique de l'Ouest. C'est notamment le cas pour la France et le Portugal du fait de leurs liens avec ces pays en tant qu'anciennes puissances coloniales en Afrique de l'Ouest. De même, les VIH-1 des groupes O, N et P, qui ont très peu diffusé dans le monde, sont retrouvés quasi exclusivement au Cameroun (ou les pays limitrophes), donc présents là où existe le réservoir naturel.

© Pour la Science, adapté de M. Peeters et M. L. Chaix, Virologie, vol. 17, pp. 119-131, 2013 (arbre), © Shutterstock.com/HappyPictures (singes)

inexorablement à des transferts d'agents infectieux, parfois sans conséquence ou avec peu de conséquences si le pathogène est peu ou pas adapté à son nouvel hôte, mais parfois avec des conséquences dramatiques si le pathogène rencontre un environnement favorable où exprimer sa virulence. Le SIV du chimpanzé lui-même n'est qu'un virus recombinant issu de deux autres SIV présents chez de petits singes que les chimpanzés, omnivores, chassent pour se nourrir : le SIVrcm du mangabey à collier blanc (*Cercocebus torquatus*) et le SIVmus/mon/gsn, qui infecte certains cercopithèques (*Cercopithecus cephus*, *C. mona* et *C. nictitans*). Avant l'humain, le chimpanzé est lui aussi devenu un hôte accidentel du fait de ses relations avec d'autres espèces.

Dès la fin des années 1980 et le début des années 1990, les analyses moléculaires du VIH-1 (ou plus exactement du VIH-1M, dont nous omettrons le M dans ce qui suit, le groupe M étant le seul responsable de la pandémie et donc le seul dont nous allons parler) ont permis d'identifier sa très grande diversité. Initialement réparti en 9 sous-types dits « purs » et approximativement équidistants d'un point de vue génétique (notés A, B, C, D, F, G, H, J, K), il s'est vite retrouvé divisé en plus de 100 formes recombinantes circulantes (des virus issus de recombinaisons entre deux ou plusieurs VIH-1 parentaux). La distribution mondiale de ces différents sous-types et formes recombinantes circulantes s'est révélée très hétérogène. Deux raisons à cela. D'une part, un effet fondateur : l'arrivée de telle ou telle souche virale dans une population donnée. D'autre part, le succès épidémiologique plus ou moins fort selon les populations touchées : si le virus pénètre dans une population très à risque, avec un fort taux de transmission, par exemple avec de nombreux partenaires sexuels ou de nombreux partages de seringues chez des usagers de drogues injectables, sa diffusion sera importante et rapide.

Fait marquant de cette répartition, les 9 sous-types purs ont tous été retrouvés en Afrique centrale (essentiellement en RDC et au Congo), argument supplémentaire de l'origine géographique du VIH-1. En revanche, dès le début de l'épidémie occidentale, seul le sous-type B était présent aux États-Unis, en Europe, au Japon ou en Australie. En d'autres termes, le VIH-1 a émergé en Afrique centrale (Cameroun et RDC), où il s'est diversifié et d'où l'un des sous-types, le sous-type B, a gagné secondairement les pays industrialisés, à commencer par les États-Unis.

Dès lors que l'origine du VIH était connue, une question majeure que se sont posée les chercheurs était la datation de l'événement initial de transmission du SIVcpz à l'homme. Ce sont des analyses de biologie de l'évolution qui ont apporté la réponse.

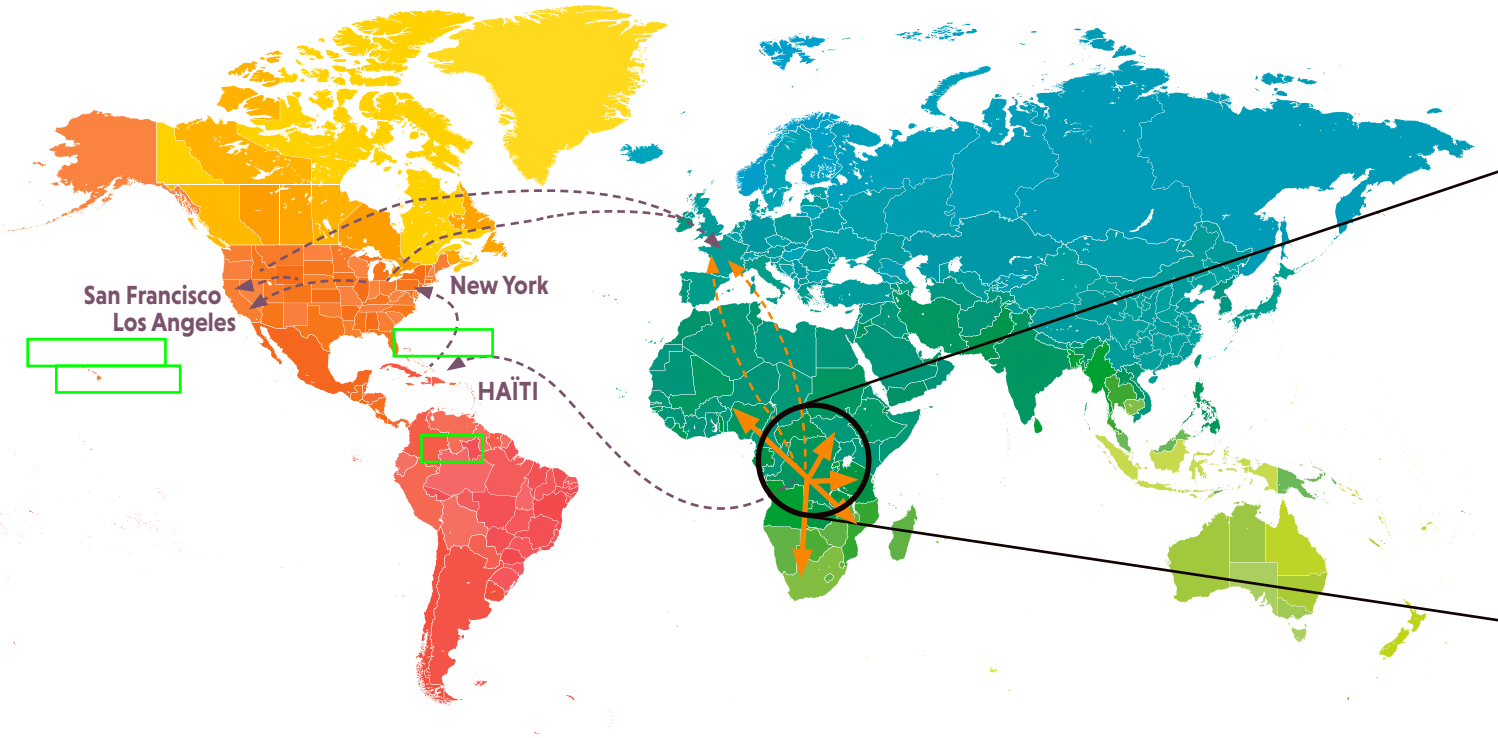
Il se trouve qu'au cours de la réplication du VIH chez son hôte, la transcriptase inverse, enzyme clé qui copie le génome viral constitué d'ARN en ADN – étape nécessaire à la multiplication des particules virales – fait de nombreuses erreurs qui conduisent à des mutations dans le génome viral. Il en résulte que les mutations s'accumulent au cours du temps. Les analyses phylogénétiques permettent donc, selon le nombre de mutations entre les souches virales isolées de sujets différents, de calculer une distance génétique entre ces isolats. Le taux moyen d'erreurs (le nombre moyen d'erreurs par unité de temps) étant constant et connu pour le VIH, il est alors possible d'appliquer des modèles dits « d'horloge moléculaire », où la distance génétique est proportionnelle à la durée d'évolution depuis l'ancêtre commun. En d'autres termes, la distance génétique entre isolats permet d'identifier la date de transmission du premier virus passé du chimpanzé à l'homme.

UN PREMIER VIH DÈS 1930

En 2000, Bette Korber, du laboratoire américain de Los Alamos, et ses collègues ont publié une première étude remarquable appliquant cette méthode. L'équipe s'est appuyée sur les séquences génétiques d'environ 150 isolats de VIH-1 des différents sous-types provenant de patients dont la date d'infection était connue, comprise entre 1983 et 1998. Leurs résultats suggèrent que le « premier VIH » aurait été transmis à l'humain aux alentours de 1930. Des analyses de paléovirologie ont ensuite validé cette estimation : la méthode consiste à intégrer aux données des échantillons anciens, en l'occurrence des séquences obtenues à partir du sérum ZR59 (le plus ancien échantillon humain connu contenant des anticorps anti-VIH, évoqué plus haut et remontant à 1959) ainsi qu'à partir d'une biopsie ganglionnaire collectée en 1960 à Kinshasa et conservée depuis, car fixée et incluse à l'époque dans de la paraffine pour des analyses d'anatomie pathologique.

Kinshasa aurait été le premier centre urbain touché par le VIH. S'il est probable que le premier VIH-1 soit passé du chimpanzé à l'homme dans le sud-est du Cameroun, le virus a pu gagner Kinshasa *via* les premières personnes contaminées du fait des connexions fluviales sur la rivière Sangha, très fréquentes entre ces deux régions pour l'exploitation du caoutchouc et de l'ivoire au début du xx^{e} siècle. Des analyses récentes effectuées à partir de plus de 1 500 séquences de VIH-1 issues de prélèvements collectés dans les pays du bassin du Congo, s'appuyant sur des concepts et outils performants dans le domaine de la biologie de l'évolution, ont d'ailleurs clairement montré que Kinshasa était l'endroit d'où l'épidémie avait gagné les autres régions de RDC.

De Kinshasa, le VIH-1 aurait diffusé dès la fin des années 1930 vers le sud-est où se >



À partir de sa transmission du chimpanzé à l'humain, probablement dans le sud-est du Cameroun, le VIH-1 s'est diffusé jusqu'à Kinshasa, puis vers les régions du nord-est et du sud-est de la RDC *(zoom)*, avant d'atteindre les pays voisins *(flèches orange)* et au-delà *(pointillés)*. Souvent vue comme une pierre au milieu du gué dans la propagation du virus, Haïti a joué un rôle bien involontaire dans la traversée de l'Atlantique du sous-type B du VIH-1 *(flèches violettes pointillées)*, qui s'est retrouvé majoritaire aux États-Unis, puis en Europe.

> trouvent Lubumbashi et Mbuji-Mayi, régions riches en minerais desservies efficacement à cette époque par voie ferrée, et se serait répandu par voie fluviale vers le nord-est de la RDC pour atteindre Bwamanda dès le milieu des années 1940, puis Kisangani (qui s'appelait alors Stanleyville, autre région riche en mines de diamants) au début des années 1950.

Les mouvements de populations liés à l'activité économique et facilités par le développement de voies de communication auraient ainsi joué un rôle majeur dans la diffusion du virus au sein de la RDC et au-delà de ce pays. Indéniablement, de très nombreux changements sociétaux intervenus au XX^e^ siècle sur le continent africain ont favorisé le succès du VIH dans l'épicentre de la pandémie : l'exode rural et l'augmentation très rapide de la population urbaine, ou encore de nouvelles pratiques médicales déployées dès les années 1950, dont l'administration par voie injectable d'antibiotiques ou d'autres thérapeutiques. Comme l'a suggéré, puis démontré, l'équipe de Jacques Pépin, à l'université de Sherbrooke, au Québec, au début des années 2010, ces pratiques ont été associées à un risque iatrogène non négligeable, c'est-à-dire un risque de contracter une maladie lors de leur application.

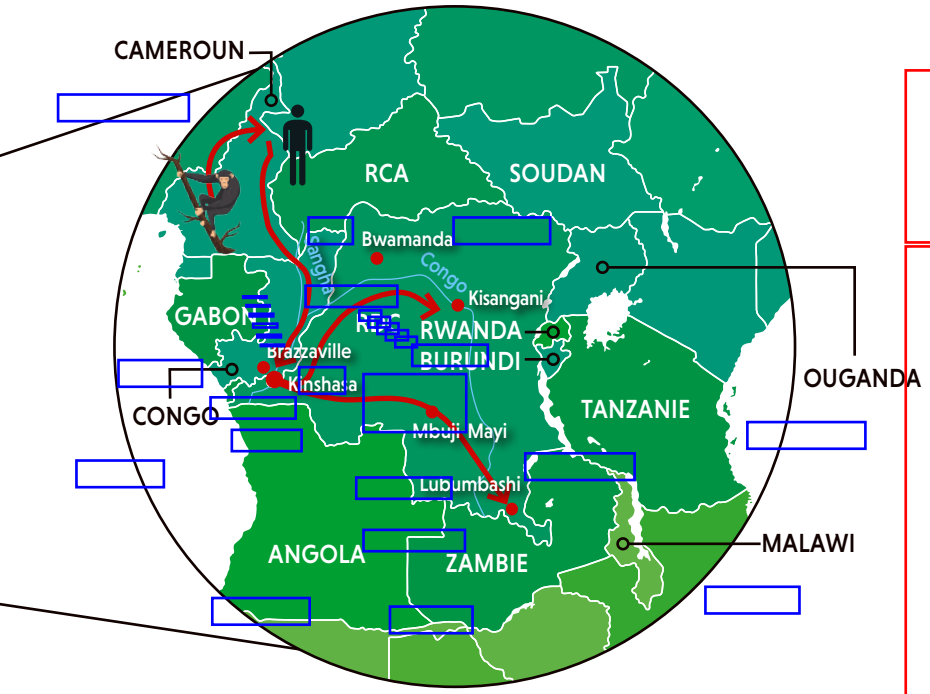
L'INFORTUNE DES HAÏTIENS

Restait à déterminer les circonstances de l'émergence du VIH-1 de sous-type B aux États-Unis et de sa diffusion dans le monde occidental. Ces circonstances n'ont été éclaircies que récemment, de même que l'énigmatique position des Haïtiens, grâce aux analyses phylogénétiques et à la lumière des connaissances de l'histoire des peuples, de leurs migrations et des évolutions sociétales.

Dès le début de l'épidémie américaine, des chercheurs avaient émis l'idée que l'île d'Haïti avait eu un rôle important dans la propagation du virus, du fait de la fréquence des cas de sida en Haïti et chez des Haïtiens vivant aux États-Unis – une hypothèse qui n'a pas été sans conséquences discriminatoires. En 2016, Michael Worobey, de l'université de l'Arizona, et ses collègues, ont conforté cette idée par des analyses de biologie évolutive. L'équipe a daté l'émergence du VIH de sous-type B (l'ancêtre commun du sous-type B «occidental») en Haïti aux alentours de 1966-1969. Pour y parvenir, les chercheurs ont comparé par analyses phylogénétiques des virus de sous-type B ayant circulé en Haïti et aux États-Unis en début d'épidémie à l'ensemble des virus B ayant diffusé dans de nombreux pays sur tous les continents de 1981 à 2001. Les résultats ont confirmé de manière indéniable que les souches haïtiennes étaient un intermédiaire entre les souches B africaines «ancestrales» et les souches B «modernes» responsables de l'épidémie occidentale. Venant d'Afrique centrale, le VIH aurait donc atteint Haïti dans la seconde moitié des années 1960 pour gagner les États-Unis dans un second temps, probablement New York vers 1972, puis la Californie.

L'hypothèse la plus probable permettant d'expliquer ce saut du VIH-1 du Zaïre vers Haïti est la suivante : à partir des années 1960, plusieurs centaines d'Haïtiens étaient partis au Congo lors de son indépendance en tant que cadres ou assistants francophones (enseignants,

© Pour la Science, adapté de Shutterstock.com/Porcupen



administrateurs, médecins…). De là, certains sont probablement revenus dans leur pays en étant porteurs du VIH. Parallèlement, en lien avec le développement de la « révolution homosexuelle » aux États-Unis, le tourisme sexuel, notamment gay, s'était développé dans les années 1970 en Haïti du fait de la proximité géographique des deux pays et de la forte influence américaine sur Haïti. Arrivé aux États-Unis, le VIH-1 y a alors trouvé des circonstances extrêmement favorables dues aux évolutions sociétales. Il s'est ainsi diffusé rapidement, notamment par voie sexuelle, et par voie sanguine chez les usagers de drogues injectables et les patients hémophiles recevant des dérivés plasmatiques produits à l'échelle industrielle à partir d'échantillons provenant de nombreux donneurs de sang.

Près de quatre décennies après la découverte du sida, aucune région du monde n'a été épargnée. D'après les données de 2019 du programme Onusida des Nations unies, environ 75 millions de personnes auraient été infectées depuis le début de l'épidémie, faisant de cette infection la pandémie qui a marqué la fin du xx^{e} siècle. Considérée initialement comme une maladie conduisant inéluctablement au décès, l'infection par le VIH a désormais rejoint le « club » des maladies chroniques, au moins dans les pays riches, grâce aux thérapeutiques antirétrovirales hautement efficaces apparues au milieu des années 1990 et qui ne cessent de s'améliorer. Malgré cela, la situation est loin d'être contrôlée, avec plus de nouvelles personnes infectées chaque année dans le monde (1,7 million en 2018 selon l'OMS) qu'il n'y a de décès associés constatés (770000 en 2018). Apparu en Afrique, le sida est un révélateur supplémentaire des déséquilibres mondiaux, car il continue d'affecter de façon disproportionnée ce continent du fait de son contexte socioéconomique défavorable.

L'histoire de l'émergence du sida et de la pandémie qui s'est ensuivie est une illustration parmi d'autres des conséquences de l'évolution de l'espèce humaine et du fragile équilibre que l'homme entretient avec son environnement. Un événement initial de contact avec le monde animal a permis la transmission d'un virus simien à l'humain. Les choses en seraient peut-être restées là si, au xx^{e} siècle, des bouleversements écologiques (exploitation de ressources naturelles, voies de communication…) et sociétaux (migrations de populations, concentrations urbaines, libération sexuelle, usage de drogues « récréatives », échanges intercontinentaux rapides…) n'avaient pas changé le monde et favorisé la diffusion du virus. Ironie de l'histoire, même les progrès fantastiques dans le domaine de la santé qui ont pourtant sauvé des millions de vies, comme les facteurs antihémophiliques et la transfusion sanguine, ainsi que l'antibiothérapie lorsque les conditions d'asepsie ne pouvaient pas être respectées faute de moyens en Afrique équatoriale, ont parfois contribué à véhiculer le virus.

UNE IMPRESSION DE DÉJÀ-VU

L'histoire du VIH n'est pas unique et le phénomène se répète régulièrement. Au cours des quarante dernières années, plusieurs transmissions de virus des animaux à l'humain se sont soldées par des épidémies dont la plupart ont été en partie contrôlées. Parmi celles-ci, on peut citer les épidémies de fièvre Ebola, de grippe aviaire, de virus Nipah et Hendra, ainsi que, bien évidemment, celles provoquées par les coronavirus SARS-CoV-1 en Chine en 2003, MERS-CoV au Moyen-Orient en 2012 et SARS-CoV-2 en 2019, responsable de la pandémie actuelle de Covid-19…

Le 30 mars dernier, l'équipe internationale chargée par l'OMS d'enquêter sur l'origine du SARS-CoV-2 a rendu un premier rapport. Si les techniques d'investigation mises en œuvre sont sans commune mesure avec celles des années 1980, le principe reste le même : combiner études épidémiologiques, analyses phylogénétiques des souches virales, analyses rétrospectives, exploration des virus apparentés chez les chauves-souris et enquêtes sur le terrain. Et les premières conclusions sont sans appel : toutes les hypothèses sont encore en lice et sans un accès complet aux données et échantillons depuis au moins septembre 2019, il sera difficile de trancher. Mais il est à parier que les recherches devront remonter bien plus loin dans le temps. ■

BIBLIOGRAPHIE

N. R. Faria *et al.*, **Distinct rates and patterns of spread of the major HIV-1 subtypes in Central and East-Africa,** *Plos Pathogens*, vol. 15, article e1007976, 2019.

N. R. Faria *et al.*, **The early spread and epidemic ignition of HIV-1 in human populations,** *Science*, vol. 346, pp. 56-61, 2014.

M. Peeters et M. L. Chaix, **Origine et diversité génétique du virus de l'immunodéficience humaine : d'où vient-il, où va-t-il ?,** *Virologie*, vol. 17, pp. 119-131, 2013.

J. Pépin, **The Origins of AIDS,** *Cambridge University Press*, 2011.

P. Denis et C. Becker, **L'Épidémie de sida en Afrique subsaharienne : regards historiens, coll. « Espace Afrique »,** *Kathala*, 2006.

P. Piot *et al.*, **AIDS : an international perspective,** *Science*, vol. 239, pp. 573-579, 1988.

RENDEZ-VOUS

P.72 *Logique & calcul*
P.78 *Art & science*
P.80 *Idées de physique*
P.84 *Chroniques de l'évolution*
P.88 *Science & gastronomie*
P.90 *À picorer*

PATIENCES EN NOIR ET ROUGE

Les patiences sont un stimulant prétexte pour faire des raisonnements stratégiques et des calculs probabilistes.

L'AUTEUR

JEAN-PAUL DELAHAYE
professeur émérite à l'université de Lille et chercheur au laboratoire Cristal (Centre de recherche en informatique, signal et automatique de Lille)

En cas de confinement total avec interdiction de s'approcher de quiconque et si tous les réseaux et ordinateurs tombent en panne, il vous restera la lecture, le dessin, le bricolage et… les patiences, aussi dénommées solitaires ou réussites.

Ces jeux avec des pions ou des cartes se jouent seul. Après une série de manipulations selon les règles de la patience, vous serez gagnant ou perdant. Il y a deux catégories de patiences. Les patiences «déterministes» ou «automatiques» sont celles où vous devez simplement suivre des règles parfaitement précises ne vous laissant aucun choix. À l'opposé, les patiences «stratégiques» présentent des situations où plusieurs actions sont possibles et qui, selon vos choix, vous conduiront à gagner ou à perdre.

Pour les patiences déterministes, le hasard intervient avant le début du jeu et provient de l'ordre initial des cartes du paquet: le mécanisme d'une patience déterministe vous conduit à la victoire ou à la défaite, celle-ci étant fixée par avance et cachée dans le paquet dès le début des manipulations, qui ne font que la décoder.

Les patiences stratégiques incitent à réfléchir pour trouver la meilleure façon de jouer. Nous donnerons des exemples de patiences stratégiques dont on peut trouver la stratégie optimale de jeu. Les patiences déterministes semblent sans intérêt, puisqu'elles reviennent à tirer à pile ou face «partie gagnée» ou «partie perdue». Sauf que ce n'est pas vraiment comme un tirage à pile ou face puisqu'on ignore quelle est la probabilité de gagner. C'est là que se trouve l'intérêt de ces patiences. Évaluer la probabilité de gagner peut être difficile et l'ordinateur est souvent indispensable pour effectuer le calcul.

Les réussites envisagées ici sont aussi simples que possible et, d'ailleurs, seule la couleur «noire» ou «rouge» des cartes y aura de l'importance. Les maîtriser occupe un bon moment, ce qui prouve que même des jeux à l'apparence idiote ont un intérêt pour l'amateur curieux et mathématicien.

LA PATIENCE «N'EN GARDER QU'UNE»

La patience «N'en garder qu'une» est d'une simplicité extrême. Y jouer et la proposer à des élèves pour qu'ils devinent comment gagner est un exercice intéressant dès la classe de sixième.

On prend un jeu de cartes quelconques bien battu et on étale en ligne 8 cartes ou plus dont seules les couleurs rouge (R) ou noire (N) sont importantes. Par exemple:

R—N—R—R—N—R—N—R—N.

Quelles sont les règles? À chaque étape, on déplace au choix un paquet de cartes dont la couleur de la carte supérieure est différente de la carte supérieure du paquet à sa gauche; on pose le paquet sélectionné sur celui à sa gauche. Les paquets restants sont alors resserrés. On dit qu'on «replie» la ligne. Pour gagner, il faut tout replier en un seul paquet.

Avec notre exemple, on commence avec la ligne:

R—N—R—R—N—R—N—R—N.

En partant de la gauche, on prend la dernière carte et on la place au-dessus sur l'avant-dernière, ce qui est autorisé puisque ces deux cartes sont de couleurs différentes:

R—N—R—R—N—R—N—N/R.

Jean-Paul Delahaye a notamment publié: **Les Mathématiciens se plient au jeu**, une sélection de ses chroniques parues dans *Pour la Science* (Belin, 2017).

Un second mouvement consiste à prendre l'avant-dernière carte et à la placer sur celle à sa gauche :

R—N—R—R—N—N/R—N/R.

On poursuit par exemple de cette façon :

R—N—R—N/R—N/R—N/R;

R—N—N/R/R—N/R—N/R;

N/R—N/R/R—N/R—N/R.

Arrivé à ces quatre paquets, on ne peut plus rien faire et on a perdu, puisqu'il fallait aboutir à un seul paquet. Avec la configuration initiale de l'exemple, il y a une façon de réussir… que je vous laisse chercher.

Deux questions générales se posent. Quelle est la meilleure façon de jouer ? Et si on l'utilise, quelle est alors la probabilité de gagner ? Des réponses viennent assez rapidement.

Situations perdantes. Il est évident que si la ligne se termine par deux cartes ou plus de la même couleur, il sera impossible d'arriver à un seul paquet, car chaque manipulation maintiendra identique les cartes au-dessus des deux derniers paquets, qui ne pourront donc jamais se replier en un seul.

Situations gagnantes et stratégie. Si les deux dernières cartes de la ligne sont de couleurs différentes, on utilise la méthode suivante qui permet de gagner à coup sûr. On se sert de l'avant-dernière carte et de celles de la même couleur pour faire disparaître toutes les cartes de couleur opposée en procédant de la droite vers la gauche. L'avant-dernière carte est utilisée pour recouvrir toutes les cartes de couleur opposée qui la précèdent. Puis la carte de la même couleur placée à sa gauche est utilisée de même, et ainsi de suite. Une fois qu'il ne reste que la dernière carte et des cartes de couleur opposée à sa gauche, on utilise cette dernière carte pour recouvrir toutes les autres une à une. On a alors un paquet unique.

Une condition nécessaire et suffisante pour avoir la possibilité de gagner est donc que les deux dernières cartes soient de couleur différentes.

La probabilité d'avoir la possibilité de gagner est donc la probabilité que les deux dernières cartes soient (R, N) ou (N, R). Si le paquet utilisé pour composer la ligne de départ possède r cartes rouges et n cartes noires, cette probabilité est :

$$r/(r+n)\times n/(r+n-1)+n/(n+r)\times r/(n+r-1) = 2rn/((n+r)(n+r-1)).$$

Avec un jeu de 32 cartes (16 R, 16 N), cela donne $2\times16\times16/(32\times31)=51{,}61\%$, ce qui est plutôt satisfaisant !

«EN GARDER DEUX DE LA MÊME COULEUR»

Envisageons maintenant des variantes dont l'analyse complète est encore possible. Pour la variante « En garder deux de la même couleur », les règles sont les mêmes, mais le but est d'arriver à avoir exactement deux >

© Shutterstock.com / Happy Stock Photo

HISTOIRE DES SOLITAIRES ET PATIENCES

Le jeu de plateau dénommé *Solitaire* existe depuis au moins trois siècles et se joue seul. Il consiste à faire disparaître tous les pions sauf un d'un damier (souvent en forme de croix) en les « sautant » les uns après les autres comme au jeu de dames.

En 1697, il est décrit et étudié dans la revue *Le Mercure Galant* (devenu plus tard *Le Mercure de France*), où il est introduit par les phrases : « Le jeu appelé du Solitaire est tellement à la mode, que vous & vos Amies, vous ne serez pas fâchées d'en avoir des règles certaines. […] De quelque pays que soit cet étranger, il a Esté bien reçu en France, où il vient d'arriver. Il plaist à la Cour, à Paris, & dans la Province ; on le veut avoir partout. » Le jeu a été étudié par Gottfried Leibniz, Martin Gardner, Nicolaas De Bruijn, John Conway et bien d'autres *(voir par exemple l'article de Christopher Jefferson* et al. *cité dans la bibliographie)*.

Dans une lettre au mathématicien Pierre Rémond de Montfort le 17 janvier 1716, Leibniz écrivait : « Après les jeux qui dépendent des nombres, viennent les jeux où entre encore la situation, comme dans le Trictrac, dans les Dames, et surtout dans les Échecs. Le jeu nommé le Solitaire me plaît assez. Je le pris d'une manière renversée, c'est-à-dire, au lieu de défaire un composé de pièces selon la loi de ce jeu, qui est de sauter dans une place vide, et ôter la pièce sur laquelle on saute, j'ai cru qu'il serait plus beau de rétablir ce qui a esté défait, en remplissant un trou sur lequel on saute… » *(voir l'article de Mary Sol de Mora-Charles cité dans la bibliographie)*.

Les jeux de cartes qu'on joue seul, dénommés « patiences », « solitaires » ou « réussites », existent semble-t-il seulement depuis la fin du XVIII[e] siècle. En France, ils furent rendus populaires par le livre de la Marquise de Fortia, paru en 1842, *Le Livre des patiences* (publié sous le nom d'auteur Madame de F***). Il est téléchargeable sur : https://gallica.bnf.fr

La plus célèbre des patiences est sans doute *Klondike*, qui, aujourd'hui, est proposée pour téléphone ou ordinateur. Bien qu'ayant donné lieu à de nombreuses études, la probabilité de gagner une partie n'est pas connue avec précision, ce qui a fait dire à Persi Diaconis, célèbre prestidigitateur et mathématicien américain, ami de Martin Gardner, que l'incapacité de calculer cette probabilité est un échec embarrassant des probabilités appliquées.

Dans le présent article, on envisage trois types de patiences avec des cartes. Elles sont toutes très simples et les règles ne prennent en compte que la couleur rouge ou noire des cartes.

> paquets de la même couleur à la fin des repliements. Voici le résultat. On peut gagner si et seulement si : « Il y a au moins une autre carte ayant la même couleur que la dernière, et la ligne ne se termine pas par plus de deux cartes de la même couleur ».

Nous vous laissons le plaisir de découvrir la stratégie gagnante.

Dans le cas où il faut garder deux cartes de la même couleur, le calcul de la probabilité de gagner est encore assez simple. Pour ce faire, calculons d'abord la probabilité des mauvais cas. Il y en a de deux sortes.

(a) Il n'y a pas dans la ligne d'autres cartes de la même couleur que la dernière. Cela peut se produire de deux façons :
R R ... R N (a_1) ou N N ... N R (a_2).

(b) Il y a plus de deux cartes de la même couleur en fin de ligne, autrement dit la ligne est :
X X ... X N N N (b_1) ou X X ... X R R R (b_2),
où les X désignent des cartes R ou N.

Ces quatre situations (a_1, a_2, b_1, b_2) sont disjointes : il est impossible d'en avoir deux en même temps. Donc la probabilité des mauvais cas est la somme des probabilités de chacune de ces situations. On calcule la probabilité de chacune en considérant les cartes de la dernière à la première. En supposant que les lignes sont de longueur 10 et qu'il y a au moins 8 rouges et 8 noires dans le paquet de cartes utilisé, les probabilités sont les suivantes :

(a_1) : $n/(n+r)\times r/(r+n-1)\times(r-1)/(r+n-2)$
$\times(r-2)/(r+n-3)\times\ldots\times(r-8)/(r+n-9)$

(a_2) : même chose en inversant r et n.

(b_1) : $n/(n+r)\times(n-1)/(n+r-1)\times(n-2)/(n+r-2)$.

(b_2) : même chose en inversant r et n.

Pour le jeu de 32 cartes, cela donne 70211/310151 = 0,22637390. La probabilité de gagner en jouant bien est donc de 77,3626%. C'est trop facile !

« EN GARDER *K* DE LA MÊME COULEUR »

Nous maîtrisons maintenant bien les règles pour aborder la variante générale de cette patience. On se donne un entier K (par exemple choisi au hasard en lançant un dé) et une ligne de L cartes et on cherche à replier la ligne en K paquets de la même couleur. L'analyse va conduire à une condition nécessaire et suffisante pour qu'on puisse arriver à K paquets de la même couleur. On note d'abord trois cas où il est évident qu'on ne peut pas réussir.

1) Si $K > L$, il est évidemment impossible de réussir.

2) Si $K \leq L$ et qu'il y a moins de K cartes ayant la même couleur que la dernière, il est impossible de réussir, car on ne pourra jamais avoir K paquets de la couleur de la dernière carte, qui est la seule envisageable.

3) Si la ligne se termine par plus de K cartes de la même couleur, il est impossible de réussir car on ne changera jamais ces paquets finaux, qui ne se réduiront donc pas.

Un petit travail de réflexion conduit alors à imaginer une stratégie qui, si l'on n'est pas dans l'un des trois cas impossibles, fait gagner à coup sûr *(voir l'encadré 2)*.

La probabilité de gain devient plus compliquée à calculer. Pour faciliter le calcul, on suppose que le paquet de cartes est infini et qu'à chaque fois qu'on prend une carte, elle a 50% de

2 LA STRATÉGIE POUR « EN GARDER *K* DE LA MÊME COULEUR »

Règles. On aligne L cartes. On peut déplacer un paquet sur son voisin de gauche s'il a une couleur différente. On choisit un entier K (éventuellement avec un dé). On doit replier les L cartes en K paquets de la même couleur.
– Si $K > L$, c'est impossible.
– Si $K \leq L$, et qu'il y a moins de K cartes ayant la même couleur que la dernière, c'est impossible (car on ne pourra jamais avoir K paquets de la couleur de la dernière carte, qui est la seule envisageable).
On suppose que les cartes de la même couleur les plus à droite sont au plus K, et qu'il y a en tout au moins K cartes de la même couleur que la carte plus à droite. Pour décrire plus facilement la stratégie, on suppose que la carte la plus à droite est noire.

Stratégie.
1) S'il n'y a qu'une carte rouge, on ne fait rien pour cette première étape. S'il y en a plusieurs, on élimine toutes les cartes rouges sauf celle située le plus à droite. C'est possible en utilisant les cartes noires.
2) Avec la carte rouge restante on élimine des cartes noires de façon qu'il en reste exactement K en tout. C'est possible car, à droite de la rouge gardée, les cartes noires sont au plus K, et il en reste à gauche suffisamment, puisqu'au total il y en avait au départ au moins K, et qu'on n'en a supprimé aucune pour l'instant.
3) On élimine la carte rouge qui reste.

Exemple avec $L = 12$ et $K = 3$. On ne fait apparaître que la carte du dessus de chaque paquet. Partons de :
R N R N R N R N N N R N.
L'objectif est d'aboutir à trois cartes de la même couleur. Nécessairement, ce sera trois N.
1) Élimination des cartes rouges, sauf la rouge la plus à droite :
R N R N R N R N N N R N
R N R N R N N N N R N
R N R N N N N N R N
R N N N N N N R N
N N N N N N R N
2) Élimination de toutes les noires sauf trois grâce à la carte rouge qui reste :
N N N N N R N
N N N N R N
N N N R N
N N R N
(3) Élimination de la carte rouge :
N N N

chances d'être rouge et 50% de chances d'être noire, ce qui revient au même que de supposer que les couleurs des cartes de la ligne initiale sont tirées R ou N à l'aide d'une pièce de monnaie (pile = R, face = N).

Voici les résultats du calcul, que nous ne détaillons pas, avec une ligne de 10 cartes au départ. On remarquera que les résultats pour $K = 1$ et $K = 2$ ne sont pas exactement ceux qu'on a trouvés plus haut, mais qu'ils en diffèrent très peu. C'est normal, car omettre de prendre en compte la légère variation des probabilités due à l'absence des cartes déposées ne change pas grand-chose.

La probabilité P de pouvoir arriver à K paquets (c'est-à-dire de ne pas se trouver dans l'un des trois cas impossibles) est:

$K=1 \rightarrow P=1/2=0,5$ $K=2 \rightarrow P=383/512=0,7480...$
$K=3 \rightarrow P=219/256=0,8554...$ $K=4 \rightarrow P=217/256=0,8476...$
$K=5 \rightarrow P=183/256=0,7148$ $K=6 \rightarrow P=31/64=0,4843...$
$K=7 \rightarrow P=63/256=0,2460...$ $K=8 \rightarrow P=11/128=0,0859...$
$K=9 \rightarrow P=9/512=0,017578...$ $K=10 \rightarrow P=1/512=0,001953...$

On voit que la probabilité de gagner (en utilisant la bonne stratégie) est maximale pour $K=3$. Si l'on vous demande quelle valeur de K vous allez chercher à atteindre, il faut donc répondre 3. Si le K est choisi au hasard avec un dé, la probabilité de réussir pour celui qui applique la stratégie optimale est la moyenne des six premières probabilités, qui est égale à 0,6917.

LA RÉUSSITE «TOUT DÉBARRASSER»

Venons-en à un second exemple un peu plus coriace. Il s'agit d'une patience déterministe n'utilisant que le rouge et le noir. Là encore, malgré sa simplicité apparente, le calcul de la probabilité de gagner semble contraindre à utiliser l'ordinateur ou à mener des raisonnements délicats.

On utilise un paquet de L cartes contenant un nombre pair de cartes rouges et un nombre pair de cartes noires. On prend les cartes une à une sur le dessus du paquet qu'on tient en main, les faces vers le dessous. On constitue deux paquets de cartes sur la table devant soi, l'un à gauche, l'un à droite. Si les deux paquets ont le même nombre de cartes ou si celui de gauche a moins de cartes que celui de droite, la nouvelle carte va à gauche, sinon elle va à droite. Après chaque nouvelle carte posée, on regarde si les cartes du dessus des deux paquets sont de la même couleur; si c'est le cas, on les enlève. On regarde à nouveau si les cartes du dessus des paquets sont de la même couleur; si c'est le cas on les enlève, etc. Quand on ne peut plus rien enlever, on prend la carte du dessus du paquet qu'on tient en main et on la pose sur l'un des deux paquets comme indiqué plus haut.

Le but est que les deux paquets soient vides une fois posée la dernière carte du paquet qu'on tient en main et opérés les retraits qu'elle permet (*voir l'exemple de l'encadré 3*).

En pratiquant la réussite, on comprend et on démontre que la réussite «Tout débarrasser» est équivalente à la suivante, plus simple mais qui exige une surface plus grande pour poser les cartes: (a) étaler en ligne les L cartes sur la table de gauche à droite; (b) tant que c'est possible, enlever une paire de cartes de la même couleur côte à côte et rapprocher les cartes qui restent alors sur la ligne (cela sans s'occuper de l'ordre des retraits). On gagne s'il ne reste plus rien.

Cette remarque mène à la conclusion pas tout à fait évidente qu'un paquet de cartes conduit à gagner si et seulement si le même paquet utilisé à l'envers permet de gagner. On démontre aussi que si un paquet de cartes P permet de gagner, tous les paquets de cartes obtenus en coupant P (on sépare n'importe où le paquet en deux et on échange la partie en dessous avec celle au-dessus) permettent aussi de gagner (*voir la propriété (E) de l'encadré 3*).

La réussite peut s'envisager avec n'importe quel jeu de cartes, pourvu qu'il comporte un nombre pair de cartes rouges et un nombre pair de cartes noires. On envisagera par exemple la réussite «Tout débarrasser» avec 2 cartes noires et 2 cartes rouges que nous noterons TD-2, ou avec 4 cartes noires et 4 cartes rouges que nous noterons TD-4, etc. La réussite étant déterministe, aucune stratégie n'est à rechercher; en revanche, le calcul de la probabilité de gagner est un défi. Un premier calcul consiste à engendrer toutes les configurations possibles, à les jouer et à compter combien de fois on gagne. L'ordinateur bien évidemment fait le travail!

	Nombre de configurations de départ	Nombre de configurations gagnantes	Probabilité de gagner
TD-2	6	4	66,66%
TD-4	70	36	51,42%
TD-6	924	400	43,29%
TD-8	12870	4900	38,07%
TD-10	184756	63504	34,37%

Les énumérations deviennent trop longues pour aller plus loin, du moins avec mon programme et mon ordinateur. En utilisant l'encyclopédie en ligne des suites numériques de Neil Sloane (https://oeis.org) et en l'interrogeant sur la suite (4, 36, 400, 4900) calculée par l'ordinateur, le site internet indique qu'il pourrait s'agir de la suite $[C(2n,n)]^2$, où les $C(p,q) = p!/[(p-q)!q!]$ désignent les coefficients du binôme de Newton. Le nombre suivant donné par l'encyclopédie est 63504; il correspond à celui que nous avons calculé. Il est difficile d'imaginer que c'est par hasard.

Pour tester cette formule, nous avons donc procédé à une seconde évaluation en procédant par simulation répétée. En opérant 100000 tirages au sort de configurations initiales pour chaque longueur de paquet de cartes, nous avons évalué la probabilité de >

3 LA PATIENCE « TOUT DÉBARRASSER »

On tient en main un paquet de cartes, par exemple R/N/R/R/N/R/N/N, on prend les cartes une à une et on en fait deux paquets sur la table ; on commence toujours le paquet à gauche et on égalise la taille des paquets quand c'est nécessaire. Lorsque les cartes au sommet des paquets sont de la même couleur, on les enlève. Le but est d'obtenir deux paquets vides à la fin. Un exemple est donné en bas de l'encadré.

Cette patience est déterministe : une fois le paquet de cartes mélangé, il conduit à perdre ou gagner sans que cela dépende de la stratégie adoptée. En revanche, la question de la probabilité de gagner est un intéressant sujet de réflexion pour l'amateur mathématicien.

Voyons la solution complète de « Tout débarrasser ». Notons 0 pour une carte rouge et 1 pour une noire. Soient k et h deux entiers positifs. Considérons une suite S formée de $2k$ 0 et $2h$ 1. Nous dirons qu'elle est « débarrassable » si l'on gagne la réussite avec cette suite.

Propriété 1. S est débarrassable si on peut la vider en enlevant, sans aucun ordre particulier, des paires de 0 consécutifs et des paires de 1 consécutifs, comme dans l'exemple : 0100**11**10 → 0**11**10 → 0**11**0 → 0**0** → Vide.

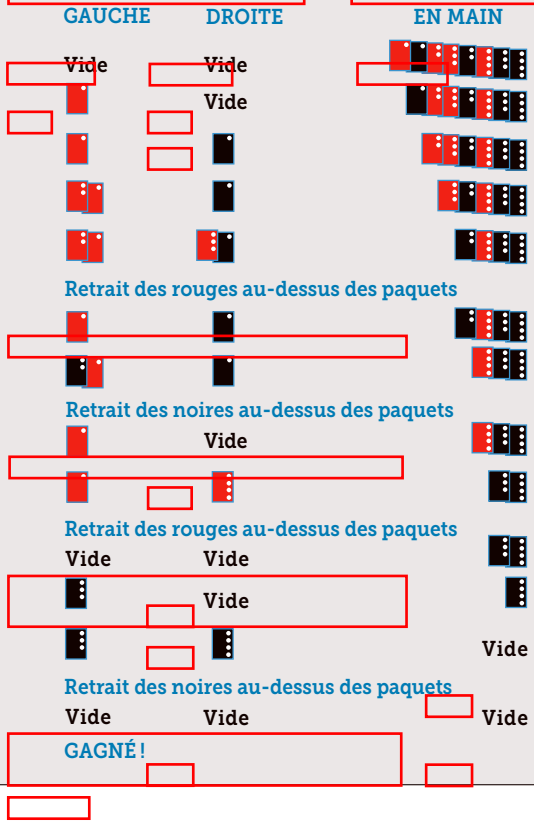
Démonstration. Si on peut vider la suite dans un certain ordre, on peut la vider en s'imposant de supprimer la paire la plus à gauche quand on a des choix, ce qui correspond à l'application des règles de la réussite « Tout débarrasser ». En effet, une paire qu'on peut enlever reste toujours enlevable si on en enlève d'autres avant.

Propriété 2. S est débarrassable si et seulement si la propriété (E) suivante est vérifiée : « La moitié des 0 occupent des places de numéro pair et l'autre moitié des 0 occupent des places de numéro impair. » Notons que la propriété (E) avec 0 implique la propriété (E) avec 1 et réciproquement.
Exemple d'une suite vérifiant (E) : 0 1 0 0 1 1 1 0. Il y a en effet deux 0 en position paire (les positions 0 et 2, en rouge) et deux 0 en position impaire (les positions 3 et 7, en bleu).

Démonstration.
a) Si S est débarrassable, alors S vérifie (E). Lorsqu'on enlève une paire de 0 (respectivement de 1), on enlève toujours un 0 (resp. un 1) en position paire et un 0 (resp. un 1) en position impaire, puisque les positions occupées sont consécutives. Quand on resserre la suite pour boucher un trou qu'on vient de faire en enlevant une paire, on ne change pas la parité des éléments de la suite : ceux en position paire le restent, et de même pour ceux en position impaire. Il en résulte qu'à chaque étape on enlève un 0 (resp. un 1) en position paire et un 0 (resp. un 1) en position impaire. Au total donc, si on peut vider la suite, c'est qu'elle vérifie la propriété (E) pour les 0 et pour les 1.
b) Si S vérifie (E), alors S est débarrassable. Si S vérifie (E) alors elle contient au moins une paire de 0 consécutifs, ou une paire de 1 consécutifs. En effet : si S ne contient ni paire de 0 consécutifs, ni paire de 1 consécutifs, c'est que les 0 et les 1 alternent, et donc que les positions des 0 ont toutes la même parité et donc que (E) n'est pas vérifiée.
On remarque ensuite que si une suite vérifie (E) et qu'on lui enlève une paire de 0 consécutifs, ou une paire de 1 consécutifs, alors la nouvelle suite après avoir resserré ses éléments vérifie encore la propriété (E).
Il en résulte de proche en proche que si S vérifie (E), alors S est débarrassable.

Propriété 3.
a) Il y a $C(2k + 2h, 2k)$ suites possibles de $2k$ 0 et $2h$ 1, où les $C(p, q) = p!/[(p - q)!\,q!]$ sont les coefficients du binôme de Newton.
b) Parmi ces suites, il y en a $[C(k + h, k)]^2$ qui sont débarrassables.

Démonstration.
a) Déterminer une suite S formée de $2k$ 0 et $2h$ 1, c'est choisir $2k$ emplacements pour les 0, ce qui revient à choisir $2k$ éléments dans un ensemble de $2k + 2h$ éléments. Or $C(p, q)$ est le nombre de façons de choisir q éléments dans un ensemble de p éléments, d'où le résultat.
b) Choisir une suite qui vérifie (E), c'est : 1) choisir les k places paires où l'on met les 0, soit $C(k + h, k)$ choix possibles ; 2) choisir les k places impaires où l'on met des 1, soit également $C(k + h, k)$ choix possibles. Les deux choix sont indépendants, d'où le résultat.



> gagner pour TD-12, TD-14, ...,TD-26, que l'on a comparée au nombre donné par la suite de l'encyclopédie de Neil Sloane divisé par le nombre de configurations initiales possibles, qui est C(4*n*, 2*n*) pour TD-2*n*.

	Probabilité de gagner (simulations)	Probabilité de gagner (formule)
TD-12	31,74%	31,57%
TD-14	29,34%	29,36%
TD-16	27,38%	27,55%
TD-18	26,18%	26,04%
TD-20	24,60%	24,76%
TD-22	23,50%	23,65%
TD-24	22,69%	22,67%
TD-26	22,03%	21,81%

Le tableau de probabilités obtenu expérimentalement correspond assez bien au tableau de probabilités provenant de la formule de l'encyclopédie de Sloane.

Partant de cette information, nous avons recherché une caractérisation des configurations gagnantes permettant d'arriver à la formule $[C(2n, n)]^2$. Nous avons pu la trouver et établir que le nombre de configurations gagnantes dans le cas de $2k$ cartes rouges et $2h$ cartes noires est $[C(k+h, h)]^2$, et par conséquent que la probabilité de gagner est $[C(k+h, h)]^2/C(2k+2h, 2h)$ (*voir l'encadré 3*).

La patience «Tout débarrasser» est donc entièrement traitée et, grâce à la formule, vous pouvez savoir en fonction du paquet que vous utiliserez quelle est votre probabilité de gagner: avec un paquet de 32 cartes, vous gagnerez dans 27,55% des cas; avec un paquet de 52 cartes, ce ne sera que 21,81%. On notera que dans cette étude, l'utilisation de l'encyclopédie des suites numériques a été déterminante. Il est probable que, sans l'utiliser, jamais je n'aurais pu établir le résultat général.

LA RÉUSSITE D'HERMIONE

Considérons maintenant une réussite en rouge en noir qui m'a été expliquée à Hermione (Ermioni), en Grèce. Elle semble intéressante car, bien que déterministe et très simple, il est difficile d'en comprendre toutes les propriétés et en particulier de calculer la probabilité de gagner autrement que par simulation informatique et évaluation statistique.

Cette patience n'exige pas de table, on pourra donc la pratiquer dans un bus ou en voiture. On tient le jeu battu dans la main gauche et on fait passer les cartes deux par deux dans la main droite.

On met les deux cartes au-dessus si elles sont de la même couleur, sinon on les met sous le paquet en les laissant dans le même ordre. Petit à petit, le paquet passe de la main gauche à la main droite. Le nombre de paires de même couleur sur le dessus du paquet est la valeur du paquet. Ce nombre est forcément pair. En effet, les cartes qui composent ces paires contiennent autant de rouges que de noires puisque c'est le cas du reste du paquet, ce qui oblige à un nombre pair de paires de la même couleur au-dessus du paquet. Avec un jeu de 32 cartes, ce nombre peut donc être 0, 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14 ou 16.

Quand on a terminé une manipulation, on ne mélange pas le jeu, on prend la carte du dessus du paquet et on la place en dessous. On fait alors passer le paquet de la main droite à la main gauche, et on recommence la manipulation.

À la fin de chaque manipulation, on note la valeur du paquet obtenu. On trouve par exemple la suite de valeurs 6, 2, 6, 4, 8, 8, etc. On a gagné si l'on réussit à avoir une valeur supérieure à 8 (donc 10, 12, 14, 16).

On est tenté d'essayer longtemps, mais souvent on échoue, aucune valeur supérieure à 8 ne se produisant. On constate qu'on tombe aussi sur ce qui semble être un cycle de valeurs, par exemple 8, 6, 8, 6, ... Obtenir 14 semble difficile, et 16 encore plus! Pourtant, c'est évidemment possible. Une simulation informatique avec 100000 tentatives donne: 0 fois 0, 0 fois le 2, 133 fois le 4, 4670 fois le 6, 36830 fois le 8, 44100 fois le 10, 13081 fois le 12, 1185 fois le 14, 1 fois le 16.

On a donc environ 58,3% de chances d'obtenir un paquet ayant une valeur 10 ou plus, 14,3% d'avoir 12 ou plus, 1,2% d'avoir 14 ou plus.

Quelques questions se posent. Quelle est la longueur du plus long cycle de résultats pour un jeu de 32 cartes? Quelle est la plus longue attente avant d'entrer dans un cycle pour un jeu de 32 cartes? Que se passe-t-il plus généralement pour des jeux de *K* cartes rouges et *K* cartes noires? Pour la première question, on a une idée. Une série de nombreux essais semble montrer que quel que soit le paquet de *K* cartes rouges et *K* cartes noires, la manipulation finit inévitablement par tomber sur une suite constante de valeurs (par exemple 8, 8, 8...) ou sur un cycle d'ordre deux (par exemple 12, 10, 12, 10). Qui saura le démontrer?

Il existe des dizaines de travaux mathématiques consacrés aux patiences et solitaires et il s'en publie encore régulièrement. Les patiences prenant en compte seulement les couleurs rouge et noire devraient être les plus simples, mais, finalement, ce n'est pas si sûr. Elles semblent une riche source de problèmes de tous niveaux. Le fait de ne manipuler que deux valeurs possibles pour les cartes intéressera les informaticiens, dont on sait qu'ils adorent le binaire; mais, plus généralement, elles pourraient occuper mathématiciens et amateurs de programmation pour les longues journées de vacances pluvieuses ou... d'épidémie. ■

BIBLIOGRAPHIE

I. Gent et C. Blake, **Patience experimental results**, 2019 : https://bit.ly/3ek8Y97

C. Blake et I. P. Gent, **The winnability of Klondike solitaire and many other patience games**, prépublication, 2019 : https://arxiv.org/abs/1906.12314

A. Tung, **A brief history of Solitaire, Patience, and other card games for one**, *The Week*, 2015 : https://bit.ly/30qE9HQ

C. Jefferson *et al.*, **Modelling and solving English Peg Solitaire**, *Computers & Operations Research*, vol. 33(10), pp. 2935-2959, 2006.

X. Yan *et al.*, **Solitaire : Man versus machine**, *Advances in Neural Information Processing Systems*, vol. 17, pp. 1553-1560, 2005.

E. Berlekamp *et al.*, **Purging pegs properly**, *Winning Ways for Your Mathematical Plays* (2e éd.), vol. 4, pp. 803-841, A K Peters, 2004.

S. de Mora-Charles, **Quelques jeux de hasard selon Leibniz**, *Historia Mathematica*, vol. 19, pp. 125-157, 1992.

L'AUTEUR

LOÏC MANGIN
rédacteur en chef adjoint
à *Pour la Science*

L'EXPLOSIF « SECRET DE LA HOLLANDE »

Au milieu du XVII^e siècle, une poudrière cachée explosa à Delft, aux Pays-Bas. L'événement, qui déjà alertait sur le danger des produits azotés, fut immortalisé plusieurs fois par le peintre Egbert van der Poel.

L'Explosion de la poudrière de Delft, le 12 octobre 1954, huile sur toile, Egbert van der Poel, 1654-1660, 37 x 62 cm.

© Rijksmuseum

Le 4 août 2020, port de Beyrouth, au Liban; le 12 août 2015, port de Tianjin, en Chine; le 21 septembre 2001, usine AZF, à Toulouse; le 16 avril 1947, Texas City, aux États-Unis... la liste des explosions accidentelles impliquant du nitrate d'ammonium (NH_4NO_3) est longue. On en compte plus de vingt depuis le début du XX^e siècle et, ne serait-ce qu'en France, dix incidents susceptibles d'avoir impliqué ce composé chimique ont été recensés depuis la fin des années 1980. Les événements de ce type ne sont pas plus anciens, car ce n'est que depuis 1909 et les travaux du chimiste allemand Fritz Haber que l'on sait synthétiser l'ammoniac (NH_3), ingrédient indispensable à la production de nitrate d'ammonium.

Ce n'est pas pour autant que les composés azotés n'ont pas fait de dégâts auparavant. Ainsi en va-t-il du nitre, l'ancien salpêtre, qui correspond au nitrate de potassium KNO_3. Avec le charbon de bois et le soufre, il est l'un des composants de la poudre noire, le plus ancien explosif chimique connu. Inventé en Chine au VII^e siècle, il aurait gagné l'Europe quelques siècles plus tard sans que les historiens ne s'entendent ni sur le chemin emprunté ni sur les dates. Toujours est-il qu'au début du XVII^e siècle, son usage est attesté sur notre continent. Et les ennuis commencent...

Le 12 octobre 1654, à 10 heures 15 du matin, au nord-est de la ville de Delft, aux Pays-Bas, un entrepôt de poudre noire explosa, faisant au moins une centaine de victimes et des dégâts matériels considérables. L'un des nombreux témoins de l'événement, resté dans l'histoire sous le nom de « Coup de tonnerre de Delft » (*Delftse donderslag* en néerlandais), a été particulièrement marqué au point d'en livrer plusieurs représentations. Il s'agit du peintre Egbert van der Poel, à qui l'on doit une *Explosion de la poudrière de Delft, le 12 octobre 1654* (*voir la reproduction ci-dessus*), exposée au Rijksmuseum, à Amsterdam, et une *Vue de Delft, après l'explosion de 1654*, conservée à la National Gallery, à Londres. Notons qu'une des filles du peintre a été enterrée deux jours après le drame. Fut-elle une des victimes? On l'ignore. Mais c'est assurément le cas d'un des disciples de Rembrandt, Carel Fabritius.

La première toile montre un paysage que l'on croirait nocturne, alors que l'explosion a eu lieu en milieu de matinée. C'est que la déflagration a été violente! Environ 30 tonnes de poudre étaient stockées dans des tonneaux. La poudre noire est stable à température ambiante,

mais un petit apport d'énergie suffit à amorcer la réaction, en l'occurrence une combustion lors de laquelle le salpêtre joue le rôle de comburant en libérant de l'oxygène, celui-ci oxydant le soufre et le carbone (les combustibles). La poudre étant confinée, la combustion a produit une grande quantité de gaz d'abord sous pression puis, celui-ci se libérant, une détonation, une onde de choc et un fort effet de souffle. Le bruit aurait été entendu à plus de 120 kilomètres de là! On comprend alors les dégâts observés et la terreur des personnages sur le tableau d'Egbert van der Poel. La fumée dégagée par la réaction chimique est suffisamment dense (et normalement blanche) pour obscurcir en partie le ciel, comme on le voit sur la toile.

Que sait-on de l'origine du drame? Peu de choses. Selon certains, quelques étincelles projetées de la lanterne de Cornelis Soetens, le gérant de la poudrerie, entré peu avant le drame dans l'édifice, seraient en cause. En tout cas, la surprise a dû être immense, car la poudrière s'était installée dans la plus grande discrétion, au point que l'entrepôt, en grande partie souterrain, était connu de quelques-uns comme le «Secret de la Hollande». La ville fut vite reconstruite, grâce à la solidarité nationale, et en 1659, de l'autre côté de la ville, Vermeer put peindre une *Vue de Delft* beaucoup plus sereine, même si sa contemplation est à l'origine de la mort de Bergotte, le personnage de Proust. ■

Le site du Rijksmuseum :
https ://bit.ly/2NZlMXE

L'auteur a publié :
Pollock, Turner, Van Gogh, Vermeer et la science…
(Belin, 2018)

LES AUTEURS

JEAN-MICHEL COURTY et ÉDOUARD KIERLIK
professeurs de physique à Sorbonne Université, à Paris

CHANTER DEUX MÉLODIES À LA FOIS

En jouant sur la forme de notre conduit vocal, il est possible d'émettre des sons comportant deux notes bien distinctes: c'est le chant diphonique.

Écoutons chanter Anna-Maria Hefele: à notre grande stupéfaction, on entend s'élever une double mélodie – une mélodie aiguë accompagnée d'une voix basse. Cette cantatrice et musicienne allemande pratique avec talent le chant diphonique, technique vocale développée depuis longtemps parmi les peuples des steppes d'Asie. Cette technique a été introduite en Europe il y a une cinquantaine d'années, et étudiée depuis. Elle permet de produire simultanément une note grave, appelée «bourdon», et une note aiguë. Comment est-ce possible?

PRODUIRE ET SÉLECTIONNER DES HARMONIQUES

Pour nous lancer dans la diphonie, commençons par suivre les conseils de Tran Quang Hai, ethnomusicologue au CNRS: créons un puissant son grave en faisant vibrer notre larynx (on doit bien le sentir avec les doigts), puis prononçons les voyelles «i» et «u» en les liant avec un timbre nasillard. Après quelques tentatives, nous entendons bien, outre le son grave, un son plus aigu! Hélas, avec cette technique, il sera bien difficile d'obtenir des notes musicales. Mais l'analyse de ces sons nous mettra sur la voie.

L'onde sonore que nous émettons en parlant ou en chantant correspond à des vibrations périodiques de l'air. On peut décomposer cette onde en une superposition de vibrations sinusoïdales, chacune caractérisée par une fréquence et une amplitude. C'est ce que l'on appelle le «spectre». La fréquence la plus basse, la fondamentale, détermine la hauteur du son, donc la note émise. Dans le cas du chant diphonique, la fréquence de la note plus aiguë est toujours un multiple entier (typiquement d'un facteur compris entre 3 et 13) de la fréquence fondamentale: il s'agit donc d'un «harmonique» du bourdon.

Analysons ce qui se passe avec un trombone à coulisse, particulièrement simple à modéliser puisque son corps est constitué d'un long tuyau de diamètre constant. Comme la voix et la plupart des instruments de musique, chaque note émise par le trombone est la superposition d'une fondamentale et de ses harmoniques, dans des proportions qui caractérisent le «timbre». La longueur du tuyau détermine la fréquence fondamentale ainsi que celles des harmoniques, qui en sont des multiples entiers.

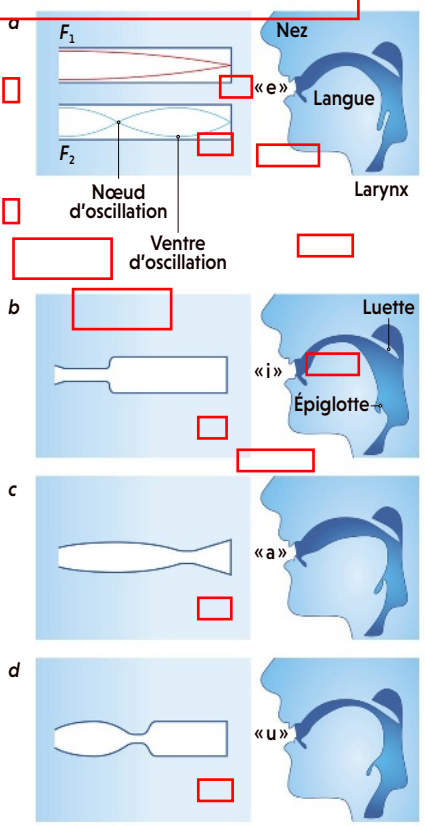
Toutefois, l'instrumentiste peut moduler les proportions de ces diverses composantes en modifiant l'embouchure. Un tromboniste comme l'Australien James Morrison peut ainsi jouer tel ou tel harmonique plutôt que la fondamentale, voire combiner les deux ou plus dans le cas des sons multiphoniques, et ce sans toucher à la coulisse, c'est-à-dire sans changer la longueur du tuyau.

Comment faire avec notre voix ce que James Morrison fait avec son trombone?

© Illustrations de Bruno Vacaro

FORME DU CONDUIT VOCAL ET RÉSONANCES

En chantant une note, les cordes vocales produisent un son composé d'une fréquence fondamentale et de ses harmoniques (les multiples entiers de la fréquence fondamentale). Cependant, la forme du conduit vocal donne lieu à des résonances qui renforcent certaines fréquences au détriment d'autres. Par exemple, quand on prononce un « e », le conduit vocal est assimilable à un tube cylindrique semi-ouvert, pour lequel il y a résonance à F_1 = 500 Hz environ, F_2 = 1 500 Hz, F_3 = 2 500 Hz, etc. *(a)*. Pour d'autres voyelles, le conduit vocal change de forme *(b, c, d)* ; cela modifie les fréquences de résonance et, par conséquent, les fréquences vocales les plus audibles, ce qui produit un timbre différent.



Dans le chant diphonique, traditionnellement pratiqué dans certaines régions d'Asie, le son émis comporte simultanément deux notes dominantes distinctes, l'une étant un harmonique de l'autre. Le chanteur ou la chanteuse peut ainsi faire entendre deux mélodies différentes en même temps.

Comparons les modes de production du son. Les deux sons sont produits par des vibrations: celles des lèvres pour le trombone, et celles des cordes vocales pour la voix. Il y a toutefois une différence majeure.

Pour le trombone, un couplage fort entre le résonateur formé par le corps de l'instrument et les lèvres impose à ces dernières une période de vibration: le temps que met une perturbation de pression à faire un aller-retour dans le tuyau. C'est cette période qui fixe la fréquence fondamentale et ses harmoniques.

En revanche, la fréquence fondamentale des vibrations des cordes vocales est presque entièrement déterminée par leur longueur et leur tension. L'onde sonore produite par ces vibrations ne ressemble guère à une onde sinusoïdale (sauf lorsqu'on parle doucement): le son produit est riche en harmoniques, dont l'amplitude décroît assez lentement à mesure que la fréquence considérée augmente.

LE CONDUIT VOCAL, UN RÉSONATEUR ACOUSTIQUE MODULABLE

Comment alors changer le timbre de notre voix et chanter ainsi les différentes voyelles? En modifiant la forme du résonateur acoustique constitué par notre pharynx, notre bouche et nos cavités nasales.

Lorsque la bouche est légèrement ouverte et la langue «à plat», le conduit vocal d'un adulte est correctement modélisé par un tube d'une longueur L d'environ 17 centimètres, fermé au niveau du pharynx et ouvert au niveau de la bouche. Si l'on note c la vitesse du son, les résonances possibles sont les multiples impairs d'une fréquence fondamentale égale à $c/(4L)$, soit environ 500 hertz (Hz). Chacune de ces résonances correspond à une onde acoustique stationnaire (*voir l'encadré ci-dessus*), où les déplacements des couches d'air présentent des nœuds (minima) et des ventres (maxima) d'oscillation. >

Les auteurs ont notamment publié : **En avant la physique !**, une sélection de leurs chroniques (Belin, 2017).

> Comme les tissus sont mous et absorbent beaucoup l'énergie acoustique, les résonances à 500 Hz, 1500 Hz, 2500 Hz..., que l'on appelle «formants» dans le langage de la phonétique, ne sont pas très marquées: ces fréquences sont amplifiées en intensité, mais les autres fréquences du son émis par les cordes vocales gardent des intensités non négligeables.

La première conséquence de cela est qu'il est impossible d'éliminer du son émis la fréquence fondamentale des vibrations des cordes vocales, même si elle est bien plus basse que 500 Hz: elle demeure audible, surtout si l'on permet à l'onde acoustique de se propager dans la cavité nasale en abaissant la luette. Cela explique la persistance du bourdon et le timbre nasillard du chant diphonique.

La deuxième conséquence est que ces résonances, même peu saillantes, déterminent le timbre du son émis en renforçant les amplitudes associées à certaines fréquences par rapport à d'autres.

Lorsqu'on modifie la configuration du conduit vocal, en changeant la position de notre langue dans notre bouche par exemple, on déforme le tuyau cylindrique en un tuyau à section variable, ce qui modifie les formants et produit d'autres voyelles (*voir l'encadré page 81*).

MODIFIER LES FRÉQUENCES DE RÉSONANCE

Cette modification est due au changement des fréquences de résonance de l'appareil phonatoire. Pour le comprendre, considérons un ventre du déplacement oscillatoire de l'air. C'est un endroit où la pression acoustique est nulle et où les couches d'air ont une vitesse maximale. L'énergie acoustique y est donc sous forme d'énergie cinétique, liée à l'inertie de l'air, et non pas d'énergie potentielle, liée à sa compressibilité. Si l'on réduit la section du conduit vocal à cet endroit (en remontant la langue vers le palais par exemple), la masse d'air y diminue, mais sa vitesse augmente puisque le débit doit rester constant: il s'ensuit que l'énergie cinétique s'accroît et renforce l'inertie par rapport à la compressibilité. Comme dans un système masse-ressort, cela diminue la fréquence de résonance.

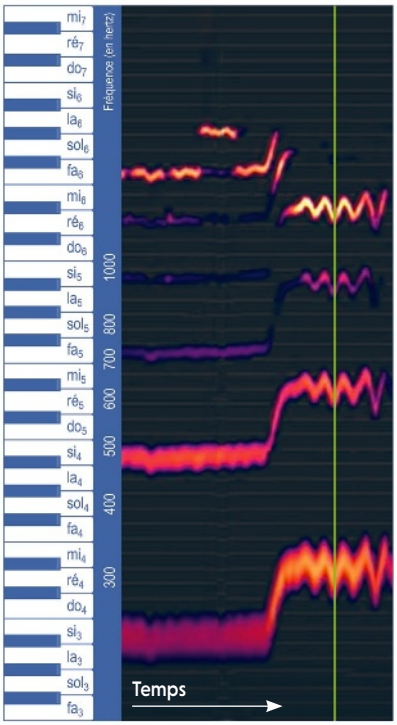
C'est ce qui arrive peu ou prou pour le premier formant lorsqu'on prononce un «i». Comme l'illustre la technique décrite au début, les formants de certaines voyelles sont déjà suffisants pour que notre oreille puisse distinguer un son autre que le bourdon. Il faut cependant y renoncer pour améliorer la sélection des fréquences par les formants.

Tran Quang Hai nous donne ainsi une seconde technique, inspirée par les maîtres mongols du chant diphonique, beaucoup plus difficile à maîtriser: émettez un «e» avec un son laryngé et prononcez un «L» en maintenant le bout de la langue au contact du palais et enfin un «o» ou un «a» très nasalisés. Dans cette configuration, la langue sépare le conduit vocal en deux cavités couplées. Comme elles sont plus petites que le conduit vocal, elles contribuent à l'apparition de formants de fréquences élevées, et facilitent ainsi l'émission de sons aigus.

Cela a d'ailleurs un intérêt musical. En travaillant avec des harmoniques élevés, par exemple les 4e, 5e, 6e, 7e et 8e harmoniques, on peut obtenir des rapports de fréquences qui correspondent à des intervalles utilisés dans la musique occidentale. Ainsi, entre le 4e et le 5e harmonique, on a une tierce, entre le 4e et le 6e une quinte, entre le 4e et le 8e une octave. Entre le 4e et le 7e, on a un peu plus qu'un intervalle de sixte et cela sonnera un peu faux. Ce registre de notes suffit cependant à Anna-Maria Hefele pour nous éblouir en interprétant des chants traditionnels ou des œuvres plus contemporaines. ■

UNE NOTE ET L'UN DE SES HARMONIQUES

En ajustant la forme de son conduit vocal, un chanteur peut faire en sorte que les phénomènes de résonance privilégient une note fondamentale et un harmonique d'ordre assez élevé, auquel cas ces deux notes seront entendues distinctement. Tel est le principe du chant diphonique. Par exemple, dans ce sonogramme d'Anna-Maria Hefele, à l'instant indiqué par la ligne verticale verte, la chanteuse produit simultanément deux notes dominantes : un $ré_4$ et, deux octaves au-dessus, un $ré_6$ *(l'intensité du son est ici codée par la couleur, de foncée pour une faible intensité à claire pour une intensité élevée).*



BIBLIOGRAPHIE

D. E. Hall, **Musical Acoustics,** Brooks/Cole (3e édition), 2001.

R. D. Kent, **Vocal tract acoustics,** *Journal of Voice*, vol. 7(2), pp. 97-117, 1993.

T. C. Levin et M. E. Edgerton, **The throat singers of Tuva,** *Scientific American*, septembre 1999, pp. 80-87.

SUR LE WEB

Tran Quang Hai, **Le chant des harmoniques :** https://images.cnrs.fr/video/606 https://bit.ly/2Pavszo

Vidéos d'Anna-Maria Hefele : https://bit.ly/3m1N24i https://bit.ly/31HHVgF

cité
sciences
et industrie

Les déserts brûlants, les glaces de l'Antarctique, les plaines salines, les eaux acides bouillonnantes, les profondeurs terrestres et océaniques sont des milieux extrêmes réputés mortels. Ils abritent pourtant une part de vie signifiante dite « extrêmophile ». Que sait-on de ces organismes super résistants ?

4 mai
Microbes de l'extrême : des durs à cuire
Adrienne Kish, microbiologiste

11 mai
Les extrêmophiles : aux frontières du vivant
Bruno Franzetti, biochimiste

18 mai
Plantes : résistances à toute épreuve
Sevser Sahpaz, pharmacognoste

Accès gratuit sur place (réservation obligatoire) ou en ligne
Informations et réservation : cite-sciences.fr

AVEC LE SOUTIEN DE POUR LA SCIENCE

© GettyImages

des milieux extrêmes pas si stériles

cycle de conférences

— les mardis à 19h

© GettyImages

cité
sciences
et industrie

planète plastique

tables rondes

— samedi 29 et dimanche 30 mai de 14h à 18h

Dans le cadre de la Journée mondiale de l'environnement 2021

samedi 29 mai

Plastiques : notre plus belle addiction ?

Avec notamment :

Christine Gandouin, AQ(T)UA, animatrice du groupe de travail plastiques de l'ASTEE ; **Nathalie Gontard**, directrice de recherche à l'INRA, **Valérie Guillard**, professeur des Universités en marketing, université Paris Dauphine.

dimanche 30 mai

Plastiques : un service après-vente à repenser ?

Avec :

Philippe Bolo, député du Maine et Loire ; **Christine Gandouin**, AQ(T)UA, animatrice du groupe de travail plastiques de l'ASTEE ; **Cyrille Harpet**, anthropologue, EHESP ; **Loïc Peyen**, maître de conférence en droit public, université Toulouse 1 Capitole.

Accès gratuit sur place (réservation obligatoire) ou en ligne
Informations et réservation : cite-sciences.fr

AVEC LE SOUTIEN DE POUR LA SCIENCE

L'AUTEUR

HERVÉ LE GUYADER
professeur émérite de biologie évolutive à Sorbonne Université, à Paris

LE VER AVEUGLE QUI N'Y VOYAIT QUE DU BLEU

Le nématode *Caenorhabditis elegans* n'a pas d'yeux. Qu'importe ! Il perçoit la couleur bleue.

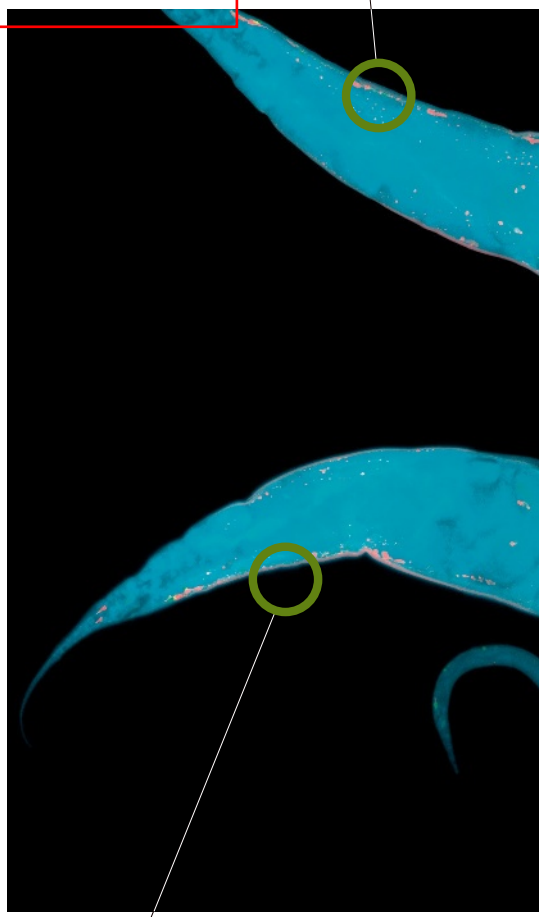
La vision est sans doute le sens le plus partagé dans le monde animal. Méduses, vers plats, coquilles Saint-Jacques, pieuvres, crustacés, insectes, vertébrés… On trouve des yeux ou des ocelles (des organes sensibles à la lumière, mais souvent incapables de former une image) chez une grande variété d'animaux. Dans certains cas, la vision des couleurs est devenue essentielle pour différentes activités, comme la reconnaissance de prédateurs, de partenaires sexuels, de nourriture, ou de tromperies lors de mimétismes.

Ces animaux voient-ils de la même manière ? Avec les mêmes photorécepteurs ? Cela fait plusieurs dizaines d'années que de telles questions relevant de la construction des organes de la vision paraissent résolues. Mais un minuscule ver, le nématode *Caenorhabditis elegans*, est récemment venu nous rappeler que tout n'est pas si simple.

Les cellules photoréceptrices comportent des opsines, protéines transmembranaires qui, liées à une molécule – un « chromophore » –, constituent des complexes appelés « rhodopsines ». Activées lorsque le chromophore absorbe un photon, ces protéines déclenchent une voie de signalisation qui, chez les animaux, crée un influx nerveux. Des archées et des organismes unicellulaires tels que des euglènes ou des dinoflagellés présentent aussi des rhodopsines. Les animaux ont donc vraisemblablement acquis ces protéines par transfert horizontal de gènes, c'est-à-dire par l'intégration de matériel génétique provenant de tels organismes.

La vision des couleurs est plus ou moins précise suivant le nombre d'opsines impliquées et la position, dans le spectre visible, des longueurs d'onde les mieux absorbées. Ainsi, on distingue les animaux monochromates (vision dite en « noir et blanc », comme chez les mammifères nocturnes), dichromates (la plupart des mammifères), trichromates (de nombreux primates) et tétrachromates (certains poissons comme le poisson-zèbre et

Petit et transparent, ce nématode est, depuis le début des années 1960, un animal modèle pour étudier divers processus comme le développement embryonnaire, la différenciation cellulaire, la mort cellulaire programmée ou le vieillissement.

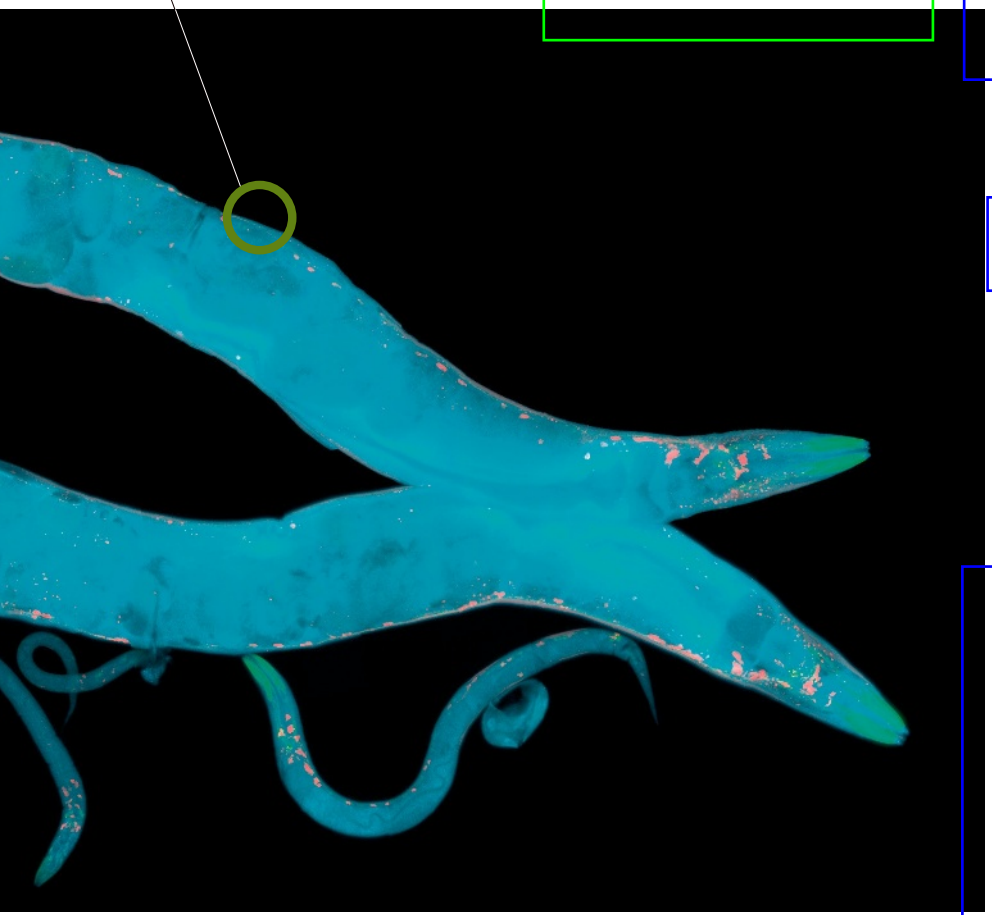


Indétectables anatomiquement, ses photorécepteurs se sont révélés situés dans la membrane de neurones localisés dans la partie postérieure de l'animal.

© Shutterstock.com/Heiti Paves

Hervé Le Guyader a récemment publié : **Biodiversité, le pari de l'espoir,** (Le Pommier, 2020).

Depuis plusieurs années, *C. elegans* sert aussi d'animal modèle dans l'espace. Plusieurs spécimens étaient dans la navette spatiale américaine *Columbia*, qui s'est désintégrée lors de sa rentrée dans l'atmosphère le 1er février 2003. On a retrouvé des survivants trois mois plus tard dans un conteneur parmi les débris de la navette.



EN CHIFFRES

250 000

Pour comprendre comment *C. elegans* détecte la lumière, Michael Nitabach et ses collègues ont étudié quelque 250 000 mutants. Seuls 20 d'entre eux ne réagissaient plus à la lumière.

25 000

On connaît plus de 25 000 espèces de nématodes, mais l'embranchement pourrait en compter plusieurs millions. Ce sont les animaux multicellulaires les plus abondants sur Terre. En 2019, une équipe internationale a évalué qu'environ $4{,}4 \times 10^{20}$ nématodes peuplent les sols en surface de la planète, soit une biomasse de 0,3 gigatonne (82 % de la biomasse totale des humains). Leur nombre excède souvent plus de 1 million par mètre carré de sol.

100

LITE-1, le photorécepteur de *C. elegans*, s'est révélé 100 fois plus sensible aux UV que les opsines, les photorécepteurs classiques des yeux et ocelles.

Caenorhabditis elegans
Taille : environ 1 mm

oiseaux comme le diamant mandarin). Plus le système d'opsines est spécialisé, plus la vision des couleurs est précise.

De plus, la biologie du développement de la fin du xxe siècle a montré que la construction des organes photorécepteurs (œil, ocelle…) dépend d'un gène majeur, nommé *Pax6* : il semble que, chez tout animal, l'embryologie de ces organes nécessite l'implication de gènes homologues (c'est-à-dire hérités d'un ancêtre commun), d'un côté les opsines comme récepteurs photosensibles et, de l'autre, *Pax6* comme gène maître.

DES OCELLES SUR L'ŒSOPHAGE

Mais dans ce beau scénario, les nématodes semblent avoir toujours posé problème. Dès le début du xxe siècle, les zoologistes avaient constaté que si la plupart de ces vers étaient aveugles, certaines espèces marines ou d'eau douce présentaient, sur les côtés du pharynx, des ocelles, constitués d'une coupe pigmentée recouverte d'une cuticule ressemblant à une lentille. Plus tard, la microscopie électronique a permis aux anatomistes d'étudier plus en détail ces structures. Ce qu'ils ont observé en a désarçonné plus d'un. Ainsi, en 1966, Neil Argo Croll, en Grande-Bretagne, s'est étonné devant les ocelles du nématode d'eau douce *Chromadorina viridis*. Dépourvus de lentille, ils sont inclus dans la musculature œsophagienne et présentent un pigment connu par ailleurs comme non photorécepteur, l'hémoglobine. Pourtant, le nématode semble bien sensible à la lumière…

Dix ans plus tard, Jay Burr, au Canada, a constaté que l'ultrastructure de l'ocelle du nématode *Oncholaimus vesicarius* calque celle d'un organe chémorécepteur : tout se passe comme si, au fil de l'évolution, un chémorécepteur du nématode était devenu un photorécepteur. Plus récemment, en 2007, son équipe a détaillé l'ultrastructure de l'ocelle de *Mermis nigrescens*, un nématode parasite de forficules (perce-oreille) et a trouvé une ressemblance frappante avec celle d'un >

> récepteur thermosensible : une fois encore, l'évolution semblait avoir détourné un récepteur et l'avoir rendu sensible à la lumière.

L'équipe de Kenneth Miller, à la fondation de la recherche médicale de l'Oklahoma, aux États-Unis, a alors décidé de se tourner vers *Caenorhabditis elegans*, dont le génome avait été intégralement séquencé en 1998. En effet, cet animal *a priori* aveugle – sans ocelles visibles – et vivant généralement sous terre présente une sensibilité à la lumière. Les investigations de l'équipe ont montré qu'il fuit la lumière, en particulier le bleu dans le spectre visible et l'ultraviolet dans l'invisible.

Kenneth Miller a fait l'hypothèse qu'un animal souterrain doit fuir la lumière pour survivre, évitant ainsi les dommages des UV et les prédateurs. Pour identifier le photorécepteur, son équipe a procédé à une mutagenèse massive dans l'espoir de produire des mutants insensibles aux UV. Plusieurs mutants se sont révélés dépourvus de perception lumineuse. L'équipe s'est focalisée sur la cible majoritaire de leurs mutations, un gène qu'elle a nommé *lite-1*. À sa grande surprise, ce gène s'est révélé coder une protéine appartenant à une famille bien connue, celle des récepteurs gustatifs des insectes : chez la drosophile, les homologues de cette protéine interviennent dans la perception des sucres et des bicarbonates.

Comment un récepteur gustatif peut-il devenir un photorécepteur ? Et s'il était juste thermosensible ? Une équipe sino-américaine rassemblée autour de Shawn Xu, de l'université du Michigan à Ann Arbor, aux États-Unis, a résolu l'énigme en 2016. La protéine LITE-1 est bien sensible à la lumière. Si elle absorbe des photons, c'est grâce à sa structure, qui imite celle des opsines et ne nécessite aucun chromophore (*voir l'encadré ci-contre*).

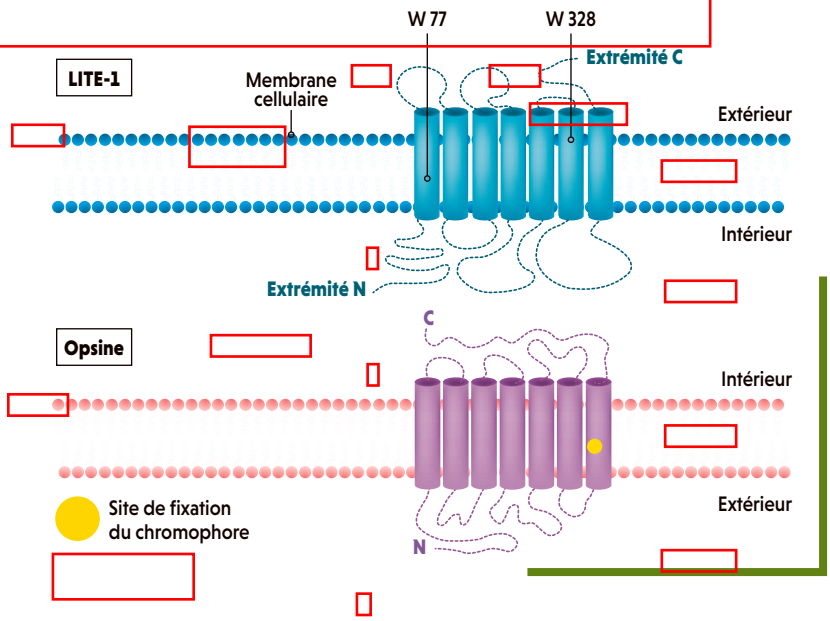
FUIR LE BLEU, QUESTION DE SURVIE

Le plus surprenant est à venir. Jusqu'à présent, tous ces chercheurs retenaient l'hypothèse de Kenneth Miller, à savoir la fuite de *C. elegans* devant une lumière agressive. Or Michael Nitabach, de l'université Yale, aux États-Unis, et ses collègues, viennent de montrer que le facteur capital n'est pas tant la lumière que la couleur. Plus précisément, ce ne sont pas les UV qui sont signifiants, mais la longueur d'onde bleue. *C. elegans* se nourrit en broutant des tapis bactériens. Or certaines bactéries sont toxiques. En particulier, la bactérie *Pseudomonas aeruginosa* sécrète une toxine pigmentée bleue, la pyocyanine, qui induit la formation de dérivés réactifs de l'oxygène, lesquels endommagent les tissus. Par une série d'expériences comportementales élaborées, l'équipe de Michael Nitabach a prouvé que *C. elegans* repère la pyocyanine par sa couleur, et s'en détourne. En d'autres termes, le nématode voit le bleu… grâce à un récepteur gustatif.

Dépourvu de gènes d'opsines et de *Paxx6*, *C. elegans* n'a pas d'ocelles classiques. La protéine LITE-1 est donc un cas d'exaptation – un mécanisme évolutif par lequel un caractère remplit une nouvelle fonction pour laquelle il n'avait pas été primitivement sélectionné. Faute de disposer du séquençage complet des autres nématodes, il est encore impossible de leur élargir cette conclusion. En revanche, le fait que certains voient avec des récepteurs thermosensibles ou chémosensibles suggère que de telles exaptations sont répandues parmi ces animaux. Une belle illustration du bricolage de l'évolution cher au biologiste François Jacob ! ■

COMMENT UN RÉCEPTEUR GUSTATIF EST DEVENU PHOTORÉCEPTEUR

Le secret de la protéine LITE-1 est sa structure : si sa séquence est homologue à celle d'un récepteur gustatif des insectes, sa conformation tridimensionnelle mime celle d'une opsine : comme cette protéine, elle présente sept segments transmembranaires. L'équipe de Michael Nitabach a montré que cette structure est nécessaire à son activité photoréceptrice. En revanche, alors que dans le cas de l'opsine, c'est un chromophore, le rétinal (une forme de la vitamine A), qui absorbe les photons, LITE-1 n'en a pas besoin : deux acides aminés de sa séquence (tryptophanes, notés W) en jouent le rôle.



BIBLIOGRAPHIE

D. D. Ghosh *et al.*, ***C. elegans* discriminates colors to guide foraging**, *Science*, vol. 371, pp. 1059-1063, 2021.

J. Gong *et al.*, **The *C. elegans* taste receptor homolog LITE-1 is a photoreceptor**, *Cell*, vol. 167, pp. 1252-1263, 2016.

S. L. Edwards *et al.*, **A novel molecular solution for ultraviolet light detection in *Caenorhabditis elegans***, *Plos Biol.*, vol. 6(8), pp. 1715-1729, 2008.

A. K. Mohamed *et al.*, **Unique two-photoreceptor scanning eye of the nematode *Mermis nigrescens***, *Biol. Bull.*, vol. 212, pp. 206-211, 2007.

© Pour la Science ; Shutterstock.com/Bass stock

PAS DE BAIGNOIRE EN OR MASSIF MAIS JE FAIS PARTIE DU 1%

ELISABETH LAVILLE
est fondatrice d'Utopies,
membre du collectif
1% for the Planet.
Chaque année,
Utopies reverse
1% de son chiffre d'affaires
lié à ses offres
climat/biodiversité
à la protection de
l'environnement.

Rejoignez le mouvement sur onepercentfortheplanet.fr

1% FOR THE PLANET®

CONCEPTION / PRODUCTION : JZ

LES METS ADOUCISSENT LES VINS

Les matières grasses contenues dans les aliments ont pour effet de réduire l'amertume et l'astringence des vins, dues à leurs tanins.

L'AUTEUR

HERVÉ THIS
physicochimiste, directeur du Centre international de gastronomie moléculaire AgroParisTech-Inra, à Paris

L'association du vin rouge avec des fromages ou de la charcuterie est répandue. Peut-être parce que les matières grasses de ces aliments atténuent l'astringence du vin ?

Quels aliments doit-on consommer avec quels vins ? On fait bien ce que l'on veut, car la question est une affaire de goût personnel, voire culturel, et non une question technique. Pour autant, la physicochimie éclaire parfois les associations mets-vins.

Julie Géan et ses collègues, à l'université de Bordeaux, ont étudié l'interaction des lipides avec les composés phénoliques des vins, dont font partie les tanins. Selon les cas, les composés phénoliques apportent de la couleur, de l'amertume ou de l'astringence. Modifient-ils la perception des aliments consommés en même temps que le vin ? Inversement, des aliments consommés modifient-ils la sensation produite par ces composés lors de la dégustation des vins ?

Les chimistes bordelais ont cherché les effets d'un important composé phénolique du vin, la catéchine, sur la morphologie et la stabilité d'émulsions. Puis ils ont étudié l'effet de la consommation d'huiles végétales sur les sensations procurées par des solutions de tanins.

DES ÉMULSIONS AVEC OU SANS TANINS AU BANC D'ESSAI

Ils ont produit des émulsions à partir d'eau, d'huile d'olive et de phospholipides (ces derniers ont un rôle émulsifiant) en présence ou en l'absence de catéchine, puis les ont comparées. Parmi diverses observations sur l'aspect et la stabilité de ces systèmes, Julie Géan et ses collègues ont identifié, par microscopie électronique, deux types de structures : des gouttelettes de lipides entourées de phospholipides et des vésicules formées de couches de phospholipides emboîtées, comme les couches d'un oignon.

L'analyse granulométrique a montré que dans le système fraîchement émulsionné avec catéchine, les gouttelettes de lipides sont plus grosses. Pour les deux systèmes, les diamètres des gouttelettes augmentent avec la durée de stockage, mais les gouttelettes formées en présence de catéchine restent toujours plus grosses qu'en son absence.

Les analyses suggèrent que les catéchines se placeraient comme les phospholipides aux interfaces eau-huile, à la surface des gouttelettes de lipides, ce qui tend à rapprocher ces dernières. Autrement dit, les catéchines agissent comme un émulsifiant, leur effet s'ajoutant à celui des phospholipides ; mais elles modifient la stabilité des émulsions en faisant interagir les gouttelettes.

Ces interactions se font-elles sentir lors des dégustations ? Pour le savoir, l'équipe bordelaise a fait goûter et évaluer par des jurés des solutions de tanins, seules ou après consommation d'une cuillerée d'huile (d'olive, de pépins de raisin ou de colza). Les jurés livraient leurs sensations pour six descripteurs sensoriels : l'intensité du goût, sa persistance, l'astringence, l'amertume, le fruité et l'acidité. Les jurés goûtaient et décrivaient séparément les huiles et les solutions de tanins de diverses concentrations, en indiquant l'intensité de chaque descripteur sur une échelle de 0 à 10 ; puis ils exploraient les associations des deux.

Parmi les informations livrées, les solutions de tanins consommées seules étaient perçues comme astringentes ; cette astringence diminuait après la consommation d'huile, avec un degré d'atténuation qui dépendait du type d'huile : les huiles de pépins de raisin et de colza réduisaient plus l'astringence des solutions phénoliques que les huiles d'olive (naturellement astringentes ou amères), tandis que ces dernières faisaient apparaître du fruité. Les interactions des lipides et des tanins conduiraient-elles à ce que ces derniers soient moins « libres », donc produisent moins d'amertume ou d'astringence ? ■

UN VIN LONG EN BOUCHE

❶ Prendre un demi-litre de vin tannique.
❷ Cuire une échalote dans l'huile jusqu'à ce qu'elle soit fondante.
❸ Broyer l'échalote au mortier et au pilon, en lui ajoutant un peu de vin pour faciliter le broyage, qui doit libérer tous les phospholipides des membranes cellulaires.
❹ Ajouter l'échalote broyée au vin. Puis, au fouet ou au mixeur, émulsionner de l'huile d'olive.
❺ Servir avec une matelote de poisson (lotte, congre…).

© Shutterstock.com/AlenaSomova

POUR LA SCIENCE HORS-SÉRIE

Édition française de Scientific American

COMPLÉTEZ VOTRE COLLECTION DÈS MAINTENANT !

N° 110 (fév. 2[illegible])
réf. DO110

N° 109 (nov. 20)
réf. DO109

N° 108 (sept. 20)
réf. DO108

N° 107 (mai 20)
réf. DO107

N° 106 (févr. 20)
réf. DO106

N° 105 (nov. 19)
réf. DO105

N° 104 (juil. 19)
réf. DO104

N° 103 (avr. 19)
réf. DO103

N° 102 (fév. 19)
réf. DO102

N° 101 (nov. 18)
réf. DO101

N° 100 (août 18)
réf. DO100

N° 99 (mai 18)
réf. DO099

RETROUVEZ L'ENSEMBLE DES ANCIENS NUMÉROS SUR **BOUTIQUE.GROUPEPOURLASCIENCE.FR**

À renvoyer accompagné de votre règlement à :
Service abonnement Pour la Science – 56 rue du Rocher – 75008 Paris – email : serviceclients@groupepourlascience.fr

☑ **OUI,** je commande des numéros de **Pour la Science Hors-série**, au tarif unitaire de 10,40 €.

1 / JE REPORTE CI-DESSOUS LES RÉFÉRENCES à 5 chiffres correspondant aux numéros commandés :

1e réf. 01 x 10,40 € = 1040 €
2e réf. ..... x 10,40 € = ... €
3e réf. ..... x 10,40 € = ... €
4e réf. ..... x 10,40 € = ... €
5e réf. ..... x 10,40 € = ... €
6e réf. ..... x 10,40 € = ... €

TOTAL À RÉGLER ..... €

Offre valable jusqu'au 31/12/21 en France Métropolitaine.
Les prix affichés incluent les frais de port et les frais logistiques.

2 / J'INDIQUE MES COORDONNÉES

☐ M. ☐ Mme
Nom : .....
Prénom : .....
Adresse : .....
.....
Code postal ..... Ville : .....
Téléphone .....
J'accepte de recevoir les offres de Pour la Science ☐ OUI ☐ NON

3 / JE CHOISIS MON MODE DE RÈGLEMENT

☐ **Par chèque** à l'ordre de *Pour la Science* en nous retournant ce bulletin complété

Pour retrouver tous nos numéros et effectuer un paiement par carte bancaire, rendez-vous sur boutique.groupepourlascience.fr

Les informations que nous collectons dans ce bon de commande nous aident à personnaliser et à améliorer les services que nous vous proposons. Nous les utiliserons pour gérer votre accès à l'intégralité de nos services, traiter vos commandes et paiements, et vous faire part notamment par newsletters de nos offres commerciales moyennant le respect de vos choix en la matière. Le responsable du traitement est la société *Pour La Science*. Vos données personnelles ne seront pas conservées au-delà de la durée nécessaire à la finalité de leur traitement. *Pour la Science* ne commercialise ni ne loue vos données à caractère personnel à des tiers. Les données collectées sont exclusivement destinées à *Pour la Science*. Nous vous invitons à prendre connaissance de notre charte de protection des données personnelles à l'adresse suivante : https://rebrand.ly/charte-donnees-pls Conformément à la réglementation applicable (et notamment au Règlement 2016/679/UE dit « RGPD ») vous disposez des droits d'accès, de rectification, d'opposition, d'effacement, à la portabilité et à la limitation de vos données personnelles. Pour exercer ces droits (ou nous poser toute question concernant le traitement de vos données personnelles), vous pouvez nous contacter par courriel à l'adresse protection-donnees@pourlascience.fr.

Groupe Pour la Science – Siège social : 170 bis, boulevard du Montparnasse, CS20012, 75680 Paris Cedex 14 – Sarl au capital de 32000 € – RCS Paris B 311 797 393 – Siret : 311 797 393 000 23 – APE 5814 Z

PICORER

Retrouvez tous nos articles sur **www.pourlascience.fr**

P.7 GÉMELLITÉ

À l'échelle mondiale, le taux d'accouchements de jumeaux a beaucoup augmenté. Il était de 1,2 % sur la période allant de 2010 à 2015, contre 0,91 % dans les années 1980-1985.

P.24

« La remise en cause des modes de consommation est moins apte à séduire en même temps écologistes, éleveurs et agriculteurs que la dénonciation de la déforestation de l'Amazonie »

CATHERINE AUBERTIN
Économiste de l'environnement à l'IRD

P.48 3 %

C'est la part des gènes chez l'humain qui n'ont fait l'objet d'aucune publication scientifique. À l'inverse, en 2017, 22 % des publications relatives aux gènes ne concernaient que 1 % d'entre eux.

P.54 BRAGG

Un miroir de Bragg est un empilement de couches parallèles d'indices optiques différents et alternés. Ce dispositif opère comme un miroir, mais pour une seule longueur d'onde. Une structure de ce type est, par exemple, responsable de la couleur vert métallisé de certaines mouches.

P.64 1930

Le VIH, c'est-à-dire le virus du sida, semble avoir été transmis du chimpanzé à l'homme autour de 1930, dans le sud-est du Cameroun. Kinshasa aurait été le premier centre urbain touché, à partir duquel le virus se serait propagé vers d'autres régions voisines dès la fin des années 1930.

P.80 BOURDON

Dans le chant diphonique, une technique vocale, l'artiste produit simultanément une note grave, le « bourdon », et une note aiguë correspondant à un harmonique d'ordre élevé du bourdon (un son de fréquence égale à un multiple entier de celle du bourdon). En modifiant la configuration de son conduit vocal, l'artiste peut ainsi chanter deux airs simultanément.

P.84 EXAPTATION

Ce mécanisme évolutif décrit la situation où un caractère assure une nouvelle fonction pour laquelle il n'avait pas été sélectionné à l'origine. Par exemple, la protéine LITE-1 est un récepteur gustatif des insectes. Chez la drosophile, elle intervient dans la perception des sucres et des bicarbonates. Mais chez le ver nématode *Caenorhabditis elegans*, elle assure une nouvelle fonction de récepteur de lumière.

Imprimé en France – Maury Imprimeur S.A. Malesherbes – Dépôt légal : 5636 – Mai 2021 – N° d'édition : M0770523-01 – Commission paritaire n° 0922 K 82079 – Distribution : MLP – ISSN : 0 153-4092 – N° d'imprimeur : 253 347 – Directeur de la publication et gérant : Frédéric Mériot.

MUSÉUM NAL HIST NATURELLE

TEXTILES, LUNETTES, STYLOS, LE PLASTIQUE OCCUPE UNE PLACE GRANDISSANTE DANS NOTRE QUOTIDIEN. FAISONS ENSEMBLE L'ÉTAT DES LIEUX ET DÉCOUVRONS LES ALTERNATIVES POSSIBLES ET INATTENDUES. PRÊTEZ-VOUS AU JEU !

Avec : Jean-Baptiste Fini, biologiste au Muséum
Gaëlle Gabillet et Stéphane Villard, designers, Studio GGSV
Nathalie Gontard, ingénieure à l'INRAE
Aurélie Luneau, journaliste à France Culture
Manuel Valentin, ethnologue au Muséum
Manon Vichot, association SEA Plastics - AgroParisTech

Gratuit - Retrouvez toutes les informations sur : **mnhn.fr/tribunes-plastiques**

POUR LA SCIENCE

france culture

TRIBUNES

PLASTIQUES : L'OVERDOSE ?

Samedi 22 mai 2021 à 15h

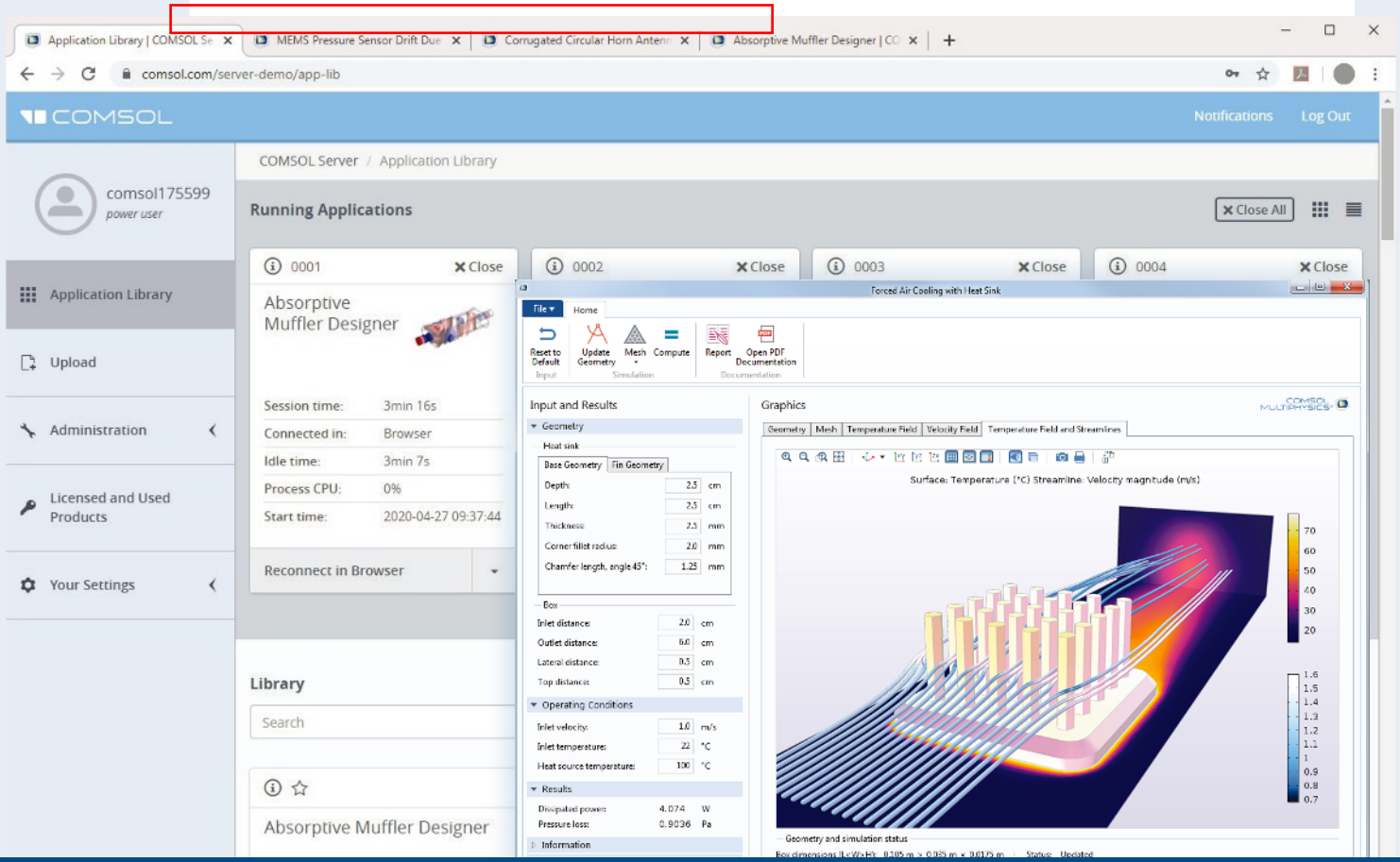
© MNHN / The Parisianer, *The Parisianer. Chroniques du Muséum*, illustration: Fräneck

ÉTUDE DE CAS

Accélérez et améliorez le développement de vos produits.

Les ingénieurs et les chercheurs de l'industrie accélèrent le développement de produits en créant des applications de simulation numérique et en les déployant au sein de leurs organisations. COMSOL Multiphysics® vous permet de créer des applications spécialisées et COMSOL Server™ et COMSOL Compiler™ vous aident à les distribuer aux bons collaborateurs et au bon moment dans votre cycle de développement de produits.

EN SAVOIR PLUS *comsol.blog/product-development*



COMSOL

Le logiciel COMSOL Multiphysics® est utilisé pour la conception et la simulation des dispositifs et des procédés dans tous les domaines de l'ingénierie, de la fabrication et de la recherche.