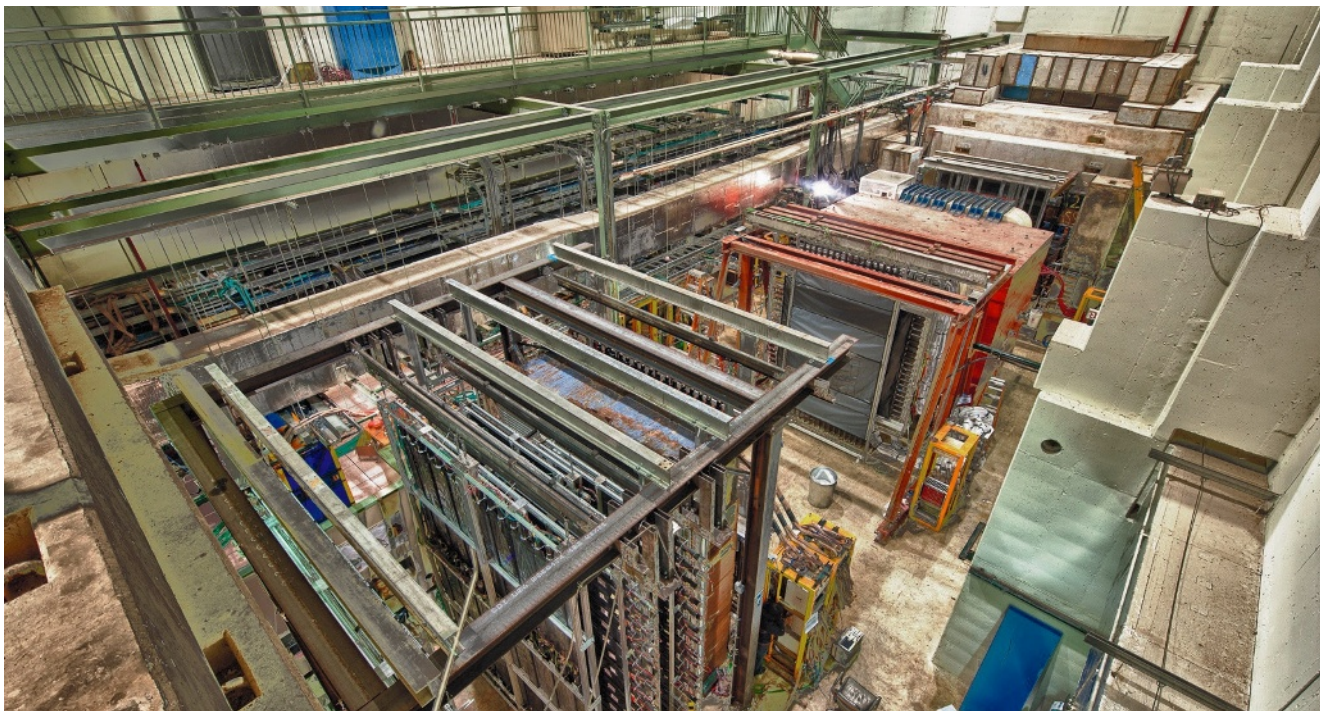




> au Cern, a publié ses résultats en 1994; l'expérience *NuSea*, à Fermilab, près de Chicago, en 2001. Les deux expériences ont conduit à une conclusion surprenante: dans la mer du proton, les antiquarks *d* sont légèrement plus nombreux que les antiquarks *u*.

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

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.

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.

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



humenSciences



humensciences.com



Le projet «Génome humain», vingt ans après

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, 1 660 maladies ayant des racines génétiques documentées, 7 712 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.

>