

Ye, Fang, et al. "Comparison of gut microbiota in autism spectrum disorders and neurotypical boys in China: a case-control study." *Synthetic and Systems Biotechnology* 6.2 (2021): 120-126.

A première vue, cet article a l'air bien écrit, et il semble correspondre aux normes en termes de structure. On constate que l'éditeur (Elsevier) est bien connu, et le lecteur peut donc s'attendre à un article de qualité. La revue en elle-même a un *impact factor* de 4.7, et se situe dans le premier quartile du domaine de la biotechnologie.

Le titre est présenté sous le format 'sujet : type d'étude' et on identifie bien la population, la pathologie et la variable étudiée. Mais un lecteur averti aura repéré assez rapidement une incohérence. En effet, cet article prétend être une étude cas témoin, ce qui sous-entend la recherche d'un lien entre un facteur de risque et une pathologie. Or, s'ils ont mis en évidence la pathologie, le microbiote ne saurait être un facteur de risque.

La lecture de l'abstract va confirmer l'hypothèse que cette étude ne peut être qualifiée de cas-témoin. Tout d'abord on apprend que le nombre de cas est de 71, et de 18 pour les témoins. Il n'y a pas le minimum d'un témoin par contrôle qu'on s'attend à trouver dans une étude cas-témoin. En outre, ils ne sont pas appariés.

Poursuivant la lecture de l'abstract on constate que l'étude n'est pas rétrospective, mais plutôt transversale, et il n'est nulle part question de rapport des chances, la méthodologie d'analyse statistique utilisée dans les études cas-témoin.

On est même en droit de se demander comment un comité de lecture a pu laisser passer une erreur si grossière. Il s'avère que la relecture a été sous-traité par une entreprise chinoise dont rien ne garantit leur sérieux.

Dans l'introduction on retrouve la structure attendue, mais on peine à retrouver l'originalité de l'article, car ils semblent étudier exactement la même chose que d'autres articles qu'ils citent dans les références. Les auteurs semblent s'appuyer sur la taille de l'échantillon pour justifier une nouvelle étude sur le même sujet, mais étant donné que l'une des études citées est une méta-analyse, cette justification paraît peu convaincante.

La section des méthodes est bien organisée, et on y décrit bien les critères d'exclusion utilisés. Malheureusement, vu les effectifs des deux groupes, il paraît un peu exagéré de parler d'appariement, car les auteurs emploient le terme '*matched*'.

La description du recueil des données est bien détaillée, gage d'un bon niveau de reproductibilité. De même, la méthodologie de l'analyse statistique est bien expliquée, et on trouve également le recours au *machine learning*. C'est peut-être ce dernier qui constitue la véritable originalité de cet article.

On parvient à comprendre les résultats en ayant recours au texte de la section résultats. Pour la figure 1, un meilleur étiquetage aurait permis de saisir l'essentiel nettement plus rapidement. Toutefois, le fait qu'ils démontrent les différences en diversité du microbiote à l'aide de différents types d'illustration est à saluer.

La figure 4 peut poser un problème pour une personne non-initiée aux méthodologies utilisées, car la juxtaposition des deux graphiques invite le lecteur à les comparer. C'est un réflexe naturel, mais on constate très vite que les deux graphiques ne sont pas comparables car les axes sont différents.

Dans la discussion on observe une omission de taille. Les auteurs insistent sur le fait que leurs résultats sont cohérents vis-à-vis des études précédentes, mais n'évoquent aucune limite. Par ailleurs, c'est ici qu'ils identifient la véritable originalité de l'étude, c'est-à-dire le recours au *machine learning*. Par ailleurs, on note que les auteurs terminent sur un constat d'autosatisfaction sans ouvrir de nouvelles perspectives.

On peut saluer la méthodologie rigoureuse employée par les auteurs, mais comme le titre nous induit en erreur sur la caractérisation de l'étude, cela nuit à la crédibilité globale.