

ACTUALITÉS SCIENTIFIQUES

Edito. La désinformation en santé, un défi collectif

La désinformation en santé constitue aujourd'hui un problème sociétal systémique. Sa diffusion rapide, son impact sur les comportements et sa capacité à fragiliser la confiance dans les institutions ont conduit à une prise de conscience politique, illustrée en septembre 2025 par la décision du ministre de la santé de mandater une mission indépendante chargée de proposer des réponses adaptées.

Si la désinformation est souvent associée aux discours complotistes, elle trouve également ses racines dans des causes plus subtiles, notamment dans l'imprécision scientifique. Les messages simplifiés, plus facile à transmettre pour être compris, peuvent être perçus comme contradictoires dès lors qu'ils manquent de nuances. Ainsi, affirmer que « les vaccins sont sûrs et efficaces » appelle nécessairement des précisions : variations selon la gravité de la maladie, différences entre populations, effets indésirables possibles. Le passage de l'énoncé général à la nuance scientifique crée un espace d'incertitude, propice à la défiance et à la circulation d'informations trompeuses.

Pourtant, cette situation confronte les acteurs de santé à des responsabilités spécifiques. Les médecins doivent accompagner leurs patients en maintenant une relation de confiance. Les chercheurs doivent rendre compte de la complexité des résultats sans les caricaturer. Les institutions doivent délivrer une information claire sans occulter l'incertitude inhérente aux connaissances actuelles. Toute simplification excessive accroît le risque de déformation et ouvre la voie à des interprétations erronées.

Reconnaître et expliciter l'incertitude n'est plus une option : c'est une condition nécessaire de la crédibilité scientifique. La lutte contre la désinformation ne peut se limiter à l'opposition entre preuves et contre-vérités ; elle exige un effort accru de rigueur dans la communication scientifique.

Mais la santé n'est pas isolée : la désinformation touche une multitude de domaines, notamment l'écologie qui en est une preuve éclatante.

Jean Christophe Lega (Département Statistiques et Modélisation pour les Sciences de la Santé)

Migration et sénescence : les choix de vie façonnent le vieillissement chez le flamant rose

Pourquoi certains individus vieillissent-ils plus lentement que d'autres ? Une étude menée sur plus de 40 ans en Camargue met en lumière le lien entre stratégie migratoire et vieillissement chez le flamant rose (*Phoenicopterus roseus*). Les individus "résidents", qui ne migrent pas, présentent un meilleur succès reproducteur en début de vie, mais subissent une sénescence plus rapide. À l'inverse, les migrateurs, bien que plus exposés à la mortalité jeune, affichent un déclin plus lent de leurs performances vitales avec l'âge. Cette étude révèle, pour la première fois à cette échelle, l'impact différencié de la migration sur la longévité au sein d'une même espèce. *"Les migrateurs paient un coût initial, mais leur vieillissement est ensuite plus lent"* selon Hugo Cayuela, co-auteur de l'étude. Ces résultats ouvrent de nouvelles perspectives sur l'influence des comportements de mobilité dans l'évolution des stratégies de vie, y compris chez l'humain.

Cliquez [ici](#) pour lire l'article

Auteurs : Hugo Cayuela (Département Ecologie Evolutive) et al. Source : PNAS

Cluefish : un nouvel outil pour l'analyse de données transcriptomiques en série

Comment interpréter des réponses moléculaires le long d'un gradient de conditions expérimentales ? Les méthodes classiques d'enrichissement fonctionnel en transcriptomique identifient les voies biologiques surreprésentées parmi un ensemble de gènes sélectionnés. Ces méthodes fonctionnent bien pour des comparaisons binaires (traité vs. contrôle), mais elles rencontrent des difficultés lorsqu'il s'agit d'analyser des données en série, comme celles issues d'expériences dose-réponse, où l'effet est mesuré à différentes concentrations d'un composé. Pour surmonter cette limite, Ellis Franklin a développé Cluefish, un workflow R open source et semi-automatisé. Son originalité réside dans son approche « data-driven » : il construit des clusters à partir de réseaux d'interactions protéine-protéine qui servent d'ancrage pour identifier des fonctions biologiques spécifiques, tandis que des fonctionnalités innovantes comme la fusion de clusters et la récupération de gènes isolés permettent une exploration plus complète et non-ciblée. Appliqué à trois jeux de données toxicologiques sur différents organismes et couplé à DRomics, Cluefish a identifié des fonctions biologiques sensibles aux doses, négligées par l'approche standard. Notamment, chez le poisson-zèbre exposé au phtalate de dibutyle, il a révélé que la perturbation de la signalisation des rétinoïdes survient dès les plus faibles doses, ce qui en fait la voie biologique la plus sensible durant le développement.

Cliquez [ici](#) pour lire l'article

Auteurs : Ellis Franklin (Département Ecologie Evolutive) et al. Source : NAR Genomics & Bioinformatics

Fête de la science : Portes ouvertes du LBBE le 10 et 11 octobre

Dans le cadre de la Fête de la Science, le LBBE ouvre ses portes les 10 et 11 octobre. Le vendredi 10 sera consacré à l'accueil des collégiens et lycéens, invités à découvrir l'écologie et l'évolution à travers conférences, ateliers et jeux. Le samedi 11 octobre, ces animations seront accessibles au grand public. Le programme des portes ouvertes est disponible [ici](#).

