

Résumé

Prendre des décisions personnalisées concernant le traitement à administrer est l'un des défis les plus importants en médecine. Les maladies multifactorielles ont souvent besoin de traitements lourds. Les patients, leurs comportements, leurs microbiomes et leurs environnements influencent l'évolution de ces maladies et l'efficacité de leurs traitements. Plusieurs scientifiques ont soulevé la question de savoir s'il serait possible d'identifier avec précision les personnes à risque pour le développement d'une maladie au cours de la phase préclinique et/ou d'identifier le traitement à administrer au cours de la phase clinique. En Informatique médicale, cela impliquerait la construction de connaissances à partir d'un ensemble de données hétérogènes, et l'extraction, à partir de ces connaissances, de la décision clinique la plus adéquate.

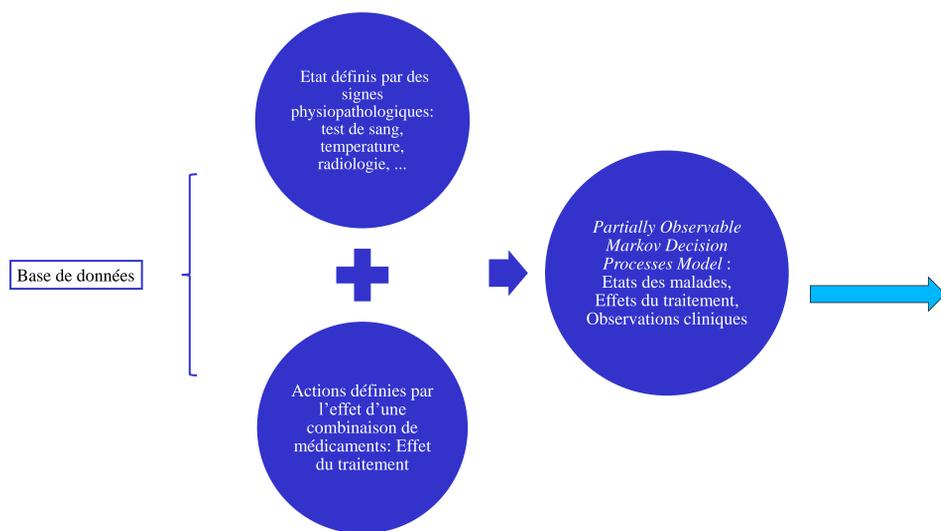
Notre objectif ici sera le développement d'une plateforme informatique dans laquelle sont mis en œuvre des modèles statistiques axés sur des données existantes (1, 2, 3) capable de prédire – à partir d'informations biomédicales - l'état actuel des patients, l'évolution de la maladie, et le traitement à administrer. Les modèles proposés considèrent les variables cliniques comme des variables explicatives et les variables de suivi des malades comme variable dépendante. Ces variables doivent être ajustées et validées pour chaque maladie ciblée.

L'innovation dans ce projet est dans l'outil lui-même. Bien que le développement de tels outils de médecine personnalisée soit en plein essor dans les pays développés, l'initiative est nouvelle en Tunisie. Le but de cette initiative serait de déclencher le développement de ce secteur.

Matériels et Méthodes

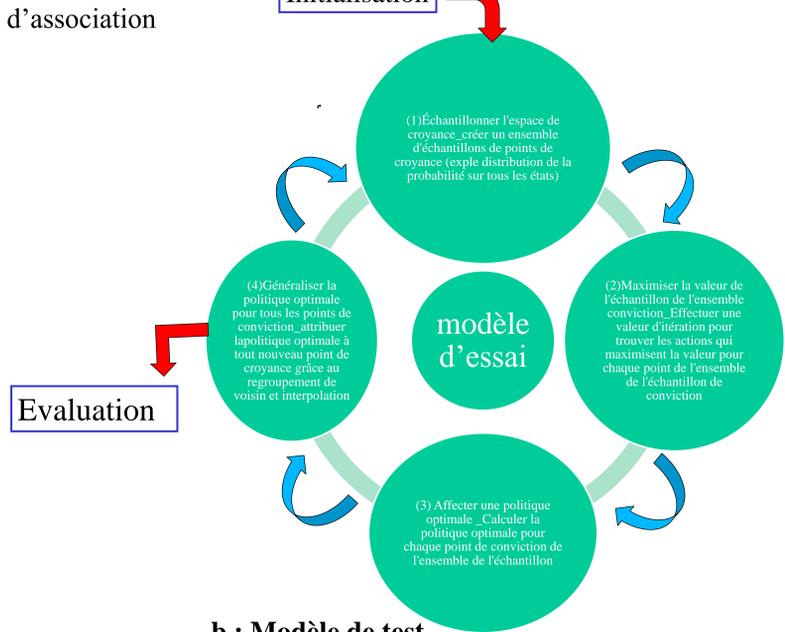
1. Deux étapes et deux types de modélisations sont nécessaire à la mise en place de cette plateforme: une modélisation bioinformatique et une modélisation biomathématique

A-Modélisation bio-informatique: permettant d'extraire les règles d'association



a : Prétraitement des données et Formulation du modèle
c: Modèle d'exécution et paramétrage de la mise à jour

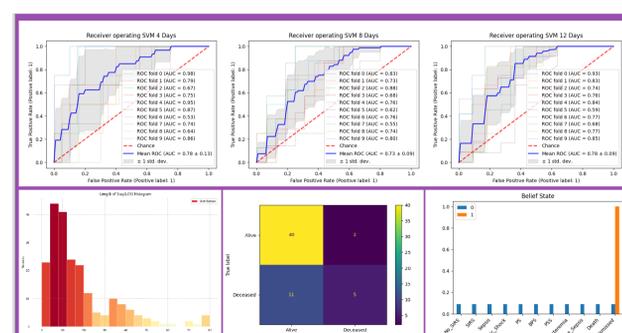
Initialisation



b : Modèle de test

B-Modélisation biomathématique: Deux types de modèles de prédiction ont été décrits dans la littérature, un modelé adapté à partir de données cliniques, biologique, et génétiques des maladies ayant un facteur génétique prépondérant (diabète) et un modelé à partir de données cliniques et biologiques (Modèle de régression, cross-validation, Modèle de distribution) permettant de dégager toutes les corrélations liées à la maladie

2. Dans le cadre de ce travail, nous avons utilisé des données cliniques d'étude du sepsis. Nous avons utilisé différents modèles mathématiques, statistiques et informatiques pour aider les professionnels de santé, notamment les médecins urgentistes et les médecins d'anesthésie/réanimation à détecter la maladie à un stade précoce, à anticiper son évolution, et à administrer le traitement adéquat.



Perspectives

- Tester le modèle à une échelle plus grande, que ce soit sur d'autres jeux de données, ou pour d'autres maladies dont les caractéristiques sont similaires.
- Développer un protocole statistique pour extraire des règles d'association entre les profils patients et leurs réponses au traitement

Références Bibliographiques

1. Tsoukalas A, et al. From data to optimal decision making: a data-driven, probabilistic machine learning approach to decision support for patients with sepsis. *JMIR Med*. 2015 Feb 24;3 (1): e11. doi: 10.2196 / medinform.3445.
2. Capan, Muge, et al. "Display and perception of risk: Analysis of decision support system display and its impact on perceived clinical risk of sepsis-induced health deterioration." *Health Informatics Journal* 28.1 (2022): 14604582211073075.4. Jones-Hall YL, Grisham MB. (2014) Immunopathological characterization of selected mouse models of inflammatory bowel disease: Comparison to human disease. *Pathophysiology*. May 27. pi: S0928-4680 (14) 00027-3.
- 3, Zhang, Dongdong, et al. "An interpretable deep-learning model for early prediction of sepsis in the emergency department." *Patterns* 2.2 (2021): 100196.7. Willis JC, Lord GM. Immune Biomarkers : the promises and pitfalls of personalized medicine. *Nat Rev Immunol*. 2015 Mar 27 .doi : 10.1038 / nri3820. [Epub ahead of print] PubMrd PMID: 25814400.