

MEDIOS DE COMUNICACIÓN

Utilisation de techniques d'intelligence artificielle pour obtenir des schémas de résistance aux antibiotiques

L'Universidad Carlos III de Madrid (UC3M) coordonne une recherche qui analyse les schémas de résistance aux antibiotiques dans le but de rechercher des tendances qui peuvent aider à décider quel traitement appliquer à chaque type de patient et à freiner la propagation des bactéries. Cette étude, récemment publiée dans le magazine scientifique *Nature Communications*, a été réalisée en collaboration avec l'université d'Exeter, l'université de Birmingham (toutes deux au Royaume-Uni) et l'hôpital Westmead de Sydney (Australie).

En milieu clinique, une mesure appelée MIC (*Minimum Inhibitory Concentration*), qui correspond à la concentration minimale d'antibiotique capable d'inhiber la croissance bactérienne, est utilisée pour surveiller la résistance d'un agent pathogène bactérien à un antibiotique. Plus la MIC d'une bactérie contre un antibiotique est élevée, plus sa résistance est importante.

Cependant, la plupart des bases de données publiques ne contiennent que la fréquence des agents pathogènes résistants, qui est une donnée agrégée calculée à partir des mesures MIC et de seuils de résistance prédéfinis. « Par exemple, pour un agent pathogène donné, le seuil de résistance à un antibiotique peut être de 4 : si une bactérie a une MIC de 16, elle est considérée comme résistante et prise en compte dans le calcul de la fréquence de la résistance », souligne Pablo Catalán, professeur et chercheur du département de mathématiques de l'UC3M et auteur de l'étude. Dans le même ordre d'idées, les rapports sur la résistance au niveau national et par des organisations telles que l'OMS sont établis à partir de ces données agrégées sur la fréquence de la résistance.

Pour mener à bien cette recherche, l'équipe a analysé une base de données pionnière qui contient les données brutes sur la résistance aux antibiotiques. Cette base de données, appelée ATLAS, est gérée par Pfizer et est publique depuis 2018. Le groupe de travail dirigé par l'UC3M a comparé les informations provenant de 600 000 patients de plus de 70 pays et a utilisé des méthodes de *machine learning* (un type de technique d'intelligence artificielle) pour extraire des modèles d'évolution de la résistance.

En analysant ces données, l'équipe de recherche a découvert qu'il existe des schémas d'évolution de la résistance qui peuvent être détectés à l'aide des données brutes (MIC), mais qui sont indétectables avec des données agrégées. « Un exemple clair de cela est celui d'un agent pathogène dont la MIC augmente lentement au fil du temps, mais en dessous du seuil de résistance. En utilisant les données de fréquence, nous ne pourrions rien dire, car la fréquence de la résistance reste constante. Cependant, en utilisant les données MIC, nous pouvons détecter un tel cas et nous mettre en alerte. Dans cet article, nous abordons plusieurs cas cliniquement pertinents présentant ces caractéristiques. En outre, nous sommes la première équipe à décrire cette base de données de manière approfondie », précise M. Catalán.

Cette étude permet de concevoir des traitements antibiotiques plus efficaces pour lutter contre les infections et freiner l'augmentation de la résistance à l'origine de nombreux problèmes cliniques. « La recherche utilise des connaissances mathématiques pour trouver de nouvelles façons d'extraire des modèles de résistance aux antibiotiques à partir de 6,5 millions de points de données », conclut l'auteur de la recherche.

Référence bibliographique : Catalán, P., Wood, E., Blair, J.M.A. et al. Seeking patterns of antibiotic resistance in ATLAS, an open, raw MIC database with patient metadata. *Nat Commun* 13, 2917 (2022).
<https://doi.org/10.1038/s41467-022-30635-7>