

Yohann MISSIAK¹, Yannick ROUQUET¹, Jérémy BAYETTE², Laurent BERGES³, Rémi FOURNIER², Marie-France ARAN³, Jean-Louis GALINIER¹, Philippe SCHLOUCH³, Guillaume TESSIER², Matthieu BERNIER¹

- 1 - LBM INOVIE CBM, groupe Inovie, Toulouse.
- 2 - LBM INOVIE LABOSUD, groupe Inovie, Montpellier
- 3 - LBM INOVIE BIOMEDILAB, groupe Inovie, Perpignan

Introduction

Les infections urinaires à *Escherichia coli* représentent la principale infection diagnostiquée en laboratoire de ville en France. L'adaptation du traitement de ces infections en fonction de l'épidémiologie par sexe et âge, tout en limitant l'utilisation d'antibiotiques à large spectre, représente un défi crucial. Cette étude présente l'utilisation de l'intelligence artificielle (IA) basée sur l'apprentissage machine pour analyser les données épidémiologiques d'antibiogrammes de souches d'*E.coli* isolées des urines provenant de trois régions géographiques différentes.

Établissements : Occitanie, France.

Inovie CBM, Toulouse



Inovie Labosud, Montpellier

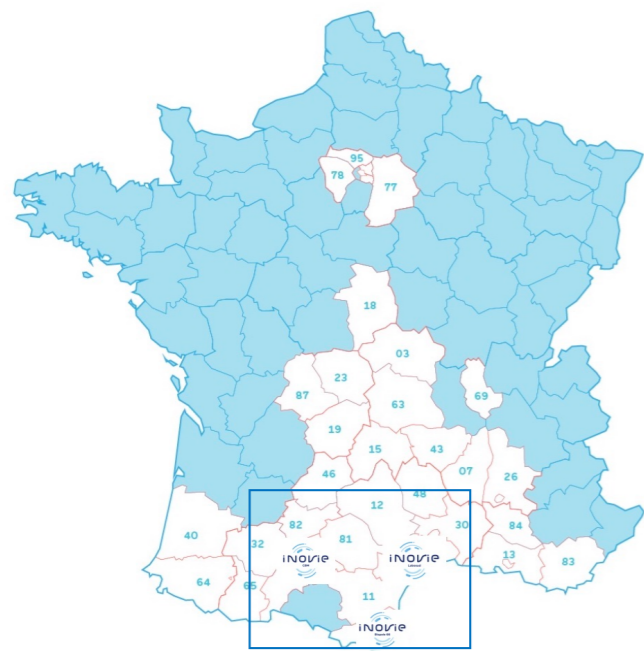


Inovie Biomedilab, Perpignan



Résultats : La relation connue entre la résistance aux antibiotiques et leur classe thérapeutique est bien retrouvée pour les molécules famille des céphalosporines (céfexime, ceftriaxone, ceftazidime, céfépime), et pour les dérivés du triméthoprime entre eux. Il existe une relation entre les sexes et le taux de résistance. L'âge joue également sur le niveau de résistance. Le lien entre la résistance à la ciprofloxacine et les céphalosporines de 3ème génération tant à confirmer l'impact de la pression de sélection. L'analyse des deux modèles générés par l'IA montrent que la variable la plus influente dans la prédiction d'un profil de résistance est le sexe, suivie du laboratoire, puis de l'âge.

Plateaux techniques de microbiologie Inovie en Occitanie



Haute Garonne, Tarn : 75 sites
Hérault, Gard : 100 sites
Aude, Pyrénées-Orientales : 35 sites

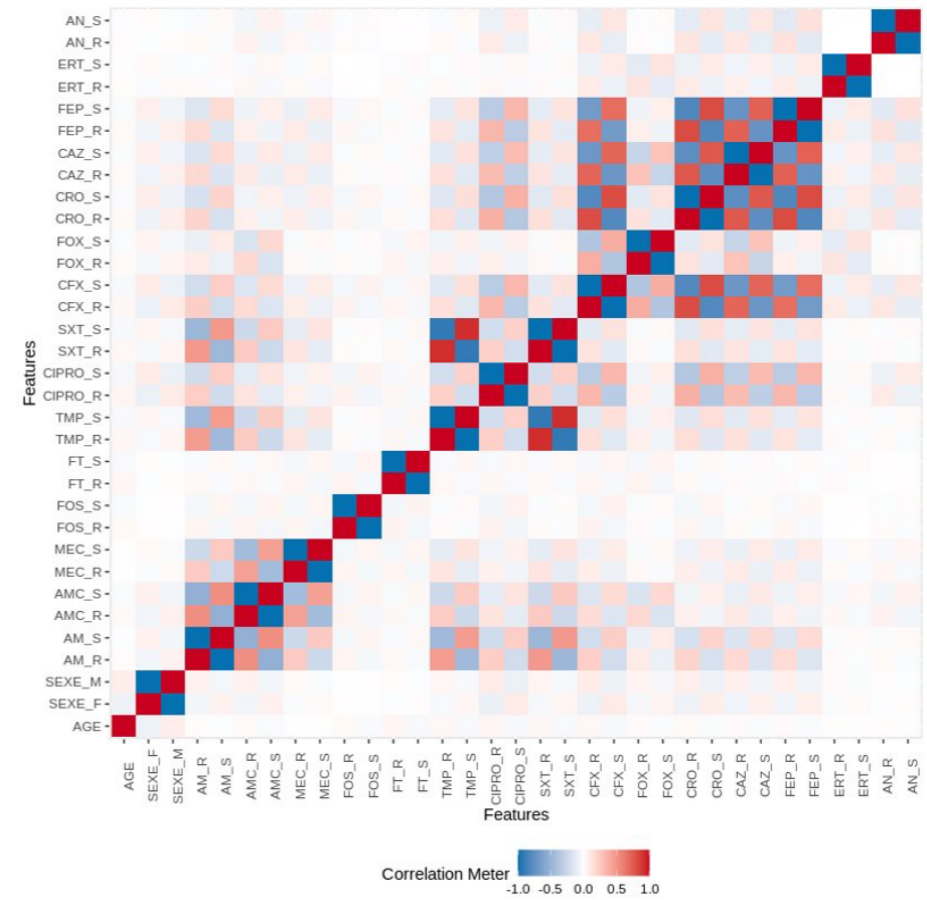


Matériel et méthodes : L'étude a porté sur l'analyse de 39 525 antibiogrammes d'*E.coli* isolés des urines, couvrant une période de six mois (du 1er janvier 2023 au 30 juin 2023) en médecine de ville. 15 antibiotiques ont été analysés à partir d'antibiogramme réalisé en milieu liquide (VITEK 2 bioMérieux ou PHENIX BD), ainsi que la notion de BLSE et/ou BHRE.

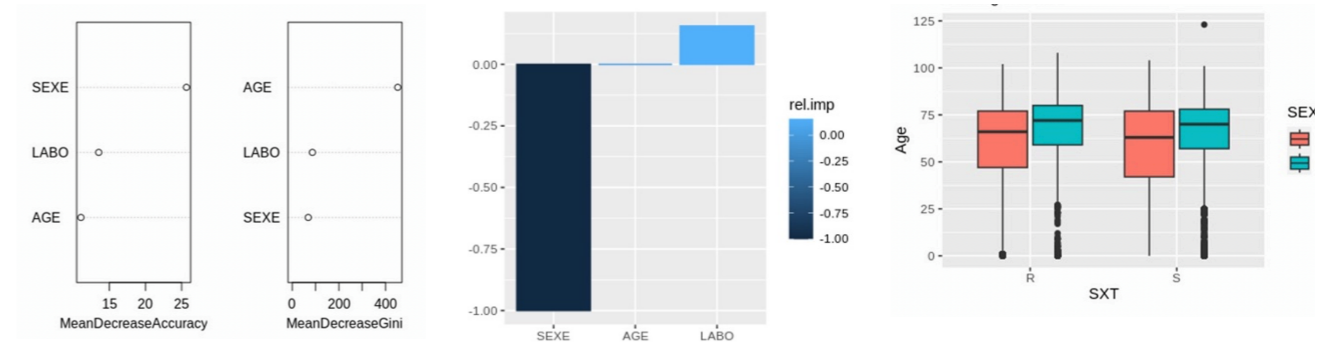
Sélection data : extraction données épidémiologiques de type CONSORES anonymisées.

Méthode IA : Logiciel statistique R avec les packages randomforest et neuralnet. Prédiction d'un profil de résistance grâce aux variables "laboratoire", "sexe" et "âge" puis analyse de l'importance de ces variables dans la prédiction.

Figure 1 : Corrélogramme antibiotiques ECBU *Escherichia coli* en ville



Figures 2 : poids des variables selon sexe, âge +/- laboratoire randomforest amoxicilline, neuralnet cotrimoxazole

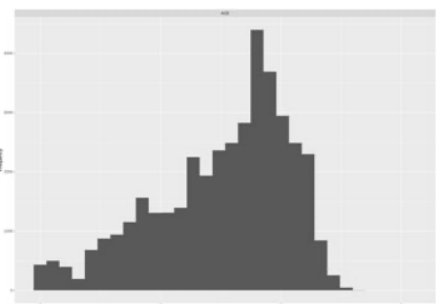


Discussion : L'utilisation de l'IA appliquée à la résistance d'*Escherichia coli* isolés des urines en ville en fonction de l'âge et du sexe représente une approche novatrice pour définir les profils de résistance et leur relation avec les paramètres démographiques en médecine de ville. Cette étude souligne l'intérêt de l'utilisation de données non-cliniques pour la prédiction de profil de résistance. Cette approche puissante permet de suivre de manière précise l'impact de l'utilisation d'antibiogrammes ciblés sur l'évolution de la résistance en fonction de l'âge et du sexe. Elle offre ainsi de nouvelles perspectives pour améliorer la gestion des infections urinaires et contribuer à une utilisation plus raisonnée des antibiotiques en tenant compte des caractéristiques démographiques des patients en vue d'une médecine de précision.

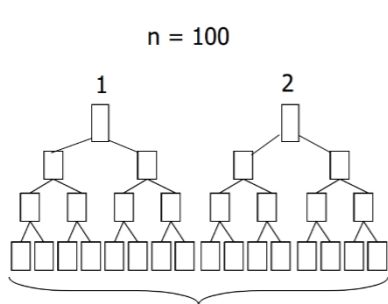
L'intelligence artificielle représente un enjeu majeur de la microbiologie médicale du 21e siècle, mais son déploiement doit être réalisé avec rigueur et sous le contrôle d'équipes pluridisciplinaires maîtrisant les enjeux médicaux pour garantir la qualité des données et des résultats des algorithmes.

Mots clés : ATB, IA, prédiction, sexe, âge

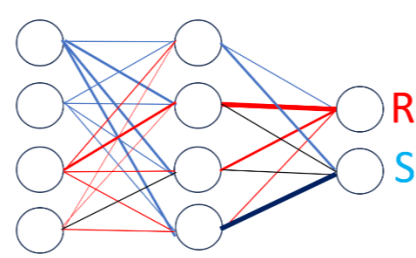
Logiciel statistique R



randomforest



neuralnet



Références :

Package R randomforest : <https://cran.r-project.org/web/packages/randomForest/>

Package R neuralnet : <https://cran.r-project.org/web/packages/neuralnet/>

Personalized antibiograms for machine learning driven antibiotic selection. Corbin CK, Sung L, Chattopadhyay A, Noshad M, Chang A, Deresinski S, Baiocchi M, Chen JH. Commun Med (Lond). 2022 Apr 8;2:38.

Translation of Machine Learning-Based Prediction Algorithms to Personalised Empiric Antibiotic Selection: A Population-Based Cohort Study. Kim C, Choi YH, Choi JY, Choi HJ, Park RW, Rhie SJ. Int J Antimicrob Agents. 2023 Nov;62(5):106966.

Correspondant:

Dr Yohann Missiak
yohann.missiak@inovie.fr
LBM INOVIE CBM
Toulouse



66^{ème} JIB,
Paris,
17-18 NOVEMBRE 2023