

Améliorer la réponse aux traitements grâce à la biostatistique

Interview d'Aurélien Latouche, professeur au Cnam et chercheur à l'Institut Curie

Publié le 23 novembre 2017 – Mis à jour le 31 janvier 2018

Des statistiques pour aider à la prise de décision diagnostique ou thérapeutique ? C'est aujourd'hui le rôle de la biostatistique. C'est également l'axe de recherche d'Aurélien Latouche, professeur des universités au Cnam et responsable de l'équipe Méthodes statistiques pour la médecine personnalisée à l'Institut Curie.



Créée l'an passé, l'équipe Méthodes Statistiques pour la médecine personnalisée a intégré l'unité Cancer et génome : bioinformatique, biostatistiques et épidémiologie (Inserm U900, Mines ParisTech) à l'Institut Curie. Son responsable Aurélien Latouche nous éclaire sur son rôle.

La biostatistique est couramment utilisée en médecine. Qu'est-ce donc ?

La **biostatistique** est l'application des **méthodes statistiques et mathématiques à la biologie et à la médecine**. Ces champs d'applications sont très vastes. Grâce à elle, on peut par exemple lors de la **planification d'un essai clinique**, déterminer le nombre de patients nécessaires pour mettre en évidence l'efficacité d'un traitement ou calculer la probabilité de rechute cinq ans après un cancer, en prenant en compte des variables comme l'âge, la gravité de la maladie, le stade de la tumeur, un antécédent familial de cancer, etc. Toujours grâce aux biostatistiques, on peut ensuite évaluer quels **traitements** leur donner.

Votre équipe Méthodes statistiques pour la médecine personnalisée a vu le jour en mars 2017 à l'Institut Curie. En quoi consiste votre travail ?

La recherche clinique est l'application de méthodes choisies en fonction d'une problématique, mon activité est complémentaire et consiste à créer des outils pour répondre aux questions de biologistes ou de cliniciens.

Pour prédire si un certain type de patient va bénéficier d'un traitement, nous cherchons à valider des **biomarqueurs** [1] qui ont été découverts par des chercheurs biologistes et des bioinformaticiens. Notre équipe s'intéresse à deux types de biomarqueurs, les **pronostics et les prédictifs**. Les premiers permettront de pronostiquer les **évolutions d'une pathologie** ; les seconds de prédire l'efficacité d'un traitement. Les **biomarqueurs prédictifs** sont bien sûr très recherchés : ils permettent d'aider à la décision de traitement et surtout d'éviter de traiter des personnes pour qui le traitement n'est pas bénéfique. Ces patients n'auront que les **effets secondaires de la chimiothérapie** : problèmes cardiaque, de toxicité hépatique, dégradation de la qualité de vie.

Nous mettons en place un projet collaboratif visant à personnaliser les instants de prélèvement d'un **biomarqueur** sanguin afin de prédire une rechute et d'individualiser le suivi des patients.

Qui compose votre équipe ?

Nous sommes :

- quatre chercheurs en biostatistique : mes trois étudiants actuellement en thèse, **Bassirou MBoup** (ISUP) ainsi que **Alessandra Meddis** (Politecnico di Torino), et moi. Leurs deux thèses sont motivées par deux sujets cliniques du cancer du sein prioritaires pour **l'Institut Curie**.

Le travail de thèse Alessandra Meddis porte sur le développement d'outils pour valider un biomarqueur pronostique à partir de données issues d'essais multicentriques. Nous nous intéressons notamment à la capacité pronostique des cellules tumorales circulantes (en collaboration avec F. C. Bidard). [Ces cellules sont rejetées par la tumeur et circulent dans le sang, ndlr.]. Leur nombre est très pronostique d'une **rechute du cancer**. Et surtout elles peuvent être comptabilisée après une simple prise de sang, un prélèvement donc peu invasif.

Bassirou Mboup développe, quant à lui, des outils de validation de la capacité prédictive d'un **biomarqueur** (de type test génomique) qui reposent sur des méthodes causales et permettront de sélectionner rationnellement une stratégie désescalade thérapeutique.

Je co-dirige par ailleurs la thèse de Jonas Béal (Polytechnique) avec E. Barillot et L. Calzone de l'équipe Biologie des systèmes. Cette thèse vise à concevoir des méthodes combinant la prédiction de survie conventionnelle fondée sur des facteurs cliniques et l'intégration de données moléculaires par la modélisation de voies oncogéniques pertinentes.

L'équipe comprend aussi deux professeurs des universités et praticiens hospitaliers : **Roman Rouzier**, chirurgien et **Christophe Le Tourneau**, oncologue. Ce sont des partenaires privilégiés pour ma recherche et sont nécessaires pour juger de l'utilité clinique de nos méthodes.

Trois membres de l'équipe de biométrie (A. Savignoni, F. Berger et M. Ezzalfani), qui font un pont entre les projets de l'hôpital et ceux du centre de recherche complète notre groupe et ont notamment une expertise en essais précoces.

Comment en êtes-vous arrivé à travailler en cancérologie ?

Je travaille en **cancérologie** depuis longtemps. J'ai d'abord fait des études en mathématiques appliquées. À l'Université Pierre-et-Marie Curie, j'ai passé un DESS dans cette discipline.

Je me suis dirigé vers les **biostatistiques** à travers mon stage puis j'ai réalisé ma thèse à l'hôpital Saint-Louis à Paris. Les modèles statistiques que l'on développait était déjà destiné à l'hémo-oncologie [une spécialité de la cancérologie qui se consacre à l'étude, au diagnostic et au traitement des maladies de la moelle osseuse, du sang et du système lymphatique tels que les syndromes myélodysplasiques et syndromes myéloprolifératifs, ndlr.] Pour ceux que cela intéresse, il faut savoir qu'en biostatistique, les propositions d'emploi sont nombreuses, les besoins sont importants !

[1] Biomarqueur ? Une molécule voire un type de cellule dont la présence ou la concentration anormale dans le sang ou les urines signale un événement ou un statut physique particulier, selon la définition de l'Inserm.

Le dernier Cnam mag'

LE CNAM MAG' #9

Société numérique, société inclusive ?

1 mai 2018

[+ Retrouvez tous les numéros](#)

Qui est Aurélien Latouche ?

Professeur des universités au Cnam depuis 2011. Il a été précédemment responsable de l'équipe Méthodes statistiques de data-mining et apprentissage (MSDMA) du laboratoire CEDRIC (2014-2017), ainsi que préfigureur de l'EPN6 Mathématiques et statistiques (2016-2017).

Ses enseignements

L'unité d'enseignement Biostatistique (STA109)

L'unité d'enseignement Calcul des probabilités (STA103)

Il est responsable de la licence de mathématiques (LG02400A)

Le centre de recherche de l'Institut Curie

De renommée mondiale, le centre de recherche comprend plus de 1 100 chercheur-e-s qui travaillent réparti-e-s dans 86 équipes de recherche et le siège de la fondation. Leurs principaux axes de recherche sont la compréhension de la cancérogénèse et le traitement des cancers.

Lexique

Modèle pronostique : pronostique les caractéristiques évolutives propres à une pathologie.

Modèle prédictif : permet de prédire la réponse à un traitement sur une pathologie.

<http://blog.cnam.fr/sante/ameliorer-la-reponse-aux-traitements-grace-a-la-biostatistique-960763.kjsp?RH=1516627148>