

A predictive algorithm in diagnosis of MDS

Dr K. Samii

Les syndromes myélodysplasiques sont une anomalie de la cellule souche produisant du sang, amenant à un défaut d'hématopoïèse. Elles se caractérisent par différents types de cytopénies, déficit d'un type cellulaire, pouvant aller jusqu'à la pancytopenie ...

Habituellement, le sang est pauvre et la moelle riche en cellules, les cellules présentent des anomalies morphologiques qui peuvent être associées à des anomalies chromosomiques ou moléculaires.

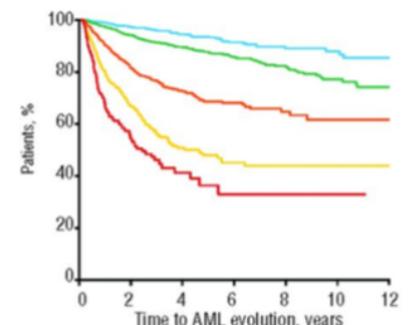
Les premiers cas sont décrits dans les années 1920. La première grande classification comprend deux catégories: les anémies réfractaires et les leucémies myélo-monocytaires chroniques.

L'OMS a rédigé une classification qui décrit une 10aine de catégories, avec notamment l'atteinte de lignées différentes. Elle sera revue prochainement, avec l'inclusion probable des facteurs chromosomiques et moléculaires pour le diagnostic.

Le Score [IPSS-R](#) se base sur le nombre de blastes dans la moelle, le caryotype et la présence de cytopénies dès 1997. Puis, sont ajoutés le taux d'hémoglobine, de plaquettes et de neutrophiles.

Il prédit la mortalité ainsi que le risque de développement d'une leucémie myéloïde aiguë (LMA)

IPSS-R Risk Category	Overall Score	Median Survival (y) in the Absence of Therapy	25% AML Progression (y) in the Absence of Therapy
VERY LOW	≤1.5	8.8	Not reached
LOW	>1.5-≤3.0	5.3	10.8
INT	>3.0-≤4.5	3	3.2
HIGH	>4.5-≤6.0	1.6	1.4
VERY HIGH	>6.0	0.8	0.7



[L'article du jour](#) est publié en 2021, et traite de l'utilisation d'un algorithme prédictif diagnostique basé sur des paramètres cliniques et de laboratoire, dans le but d'éviter une ponction de moelle douloureuse.

500 patients sont sélectionnés au hasard dans le registre européen des SMD, avec examen des dossiers patients.

500 patients contrôle sont sélectionnés dans le registre du centre médical Tel Aviv Sourasky, sans examen de dossier. Ils se présentent pour un bilan d'anémie ou de syndrome lymphoprolifératif, avec exclusion des atteintes de la moelle et des maladies hématologiques.

10 variables sont prises en compte, dont la glycémie et la créatinine.

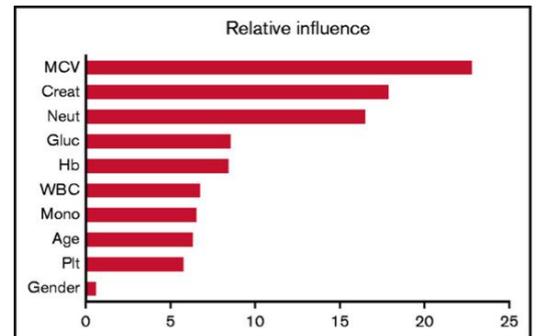
Des méthodes statistiques complexes

- gradient-boosted models: modèle de prédiction sous forme d'arbre décisionnel
- AUC: Aire sous la courbe ROC (Receiver Operating Characteristic)
- fivefold cross-validation

Les valeurs prédictives positives et négatives sont calculées avec une prévalence du SMD supposée de 20%, chez des patients avec anémie inexplicée (autres causes exclues), éligibles à la ponction de moelle. Une analyse avec des prévalences de 10 et de 30% a également eu lieu.

Influence relatives des variables

Le MCV, la créatinine et le taux de neutrophiles représentent à eux seuls plus de 55% de la valeur prédictive du modèle. LDH et bilirubine n'avaient aucune influence prédictive...

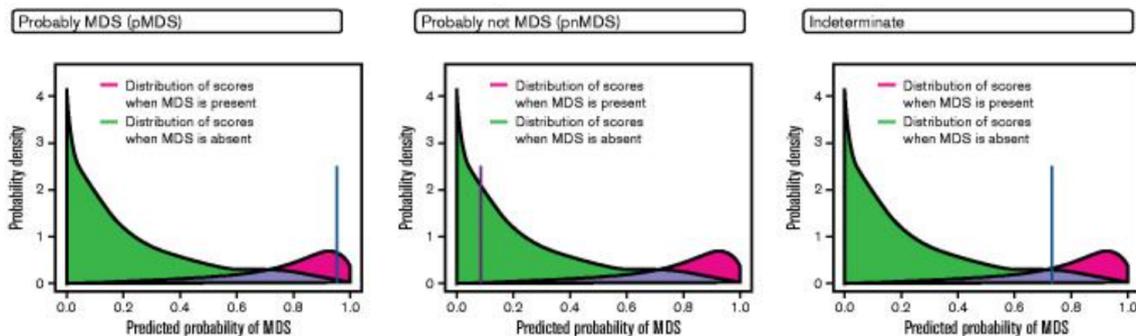


Résultats

En passant d'une cytopénie seule à une bicytopénie ou même une pancytopenie, la VPP diminue... alors que la VPN reste toujours forte, ce qui indique une utilité du modèle pour l'exclusion du SMD.

L'outil pratique - une application atteignable par [lien](#) ou code QR

Dix variables sont à remplir et trois niveaux de risque établis: bas, élevé et intermédiaire.



Points positifs

- nombre de patients conséquent
- patients dans un registre avec un SMD prouvé
- permet d'éviter, dans certains cas, la ponction de moelle

Points négatifs

- étude rétrospective, basé sur un seul centre pour le groupe contrôle
- étude de dossier: grande variabilité interindividuelle de la lecture du médullogramme.
- Groupe contrôle: comprend diverses pathologies (bilan lymphoprolifératif)
- prévalence supposée, alors que les anémies sont très variables selon la région et le type de patient

Limites du modèle

- N'intègre pas certaines informations: morphologies, % des blastes, cytogénétique... alors qu'il y a peu d'éléments dans le sang périphérique pour poser un diagnostic de SMD, contrairement à la LLC. La cytométrie de flux peut aider, mais ne suffit pas.

Perspectives pour la prochaine étude:

- Groupe témoin: uniquement anémie inexplicée avec un bilan négatif (dont biopsie)
- Augmenter le nombre de variables prises en compte
- Valider le modèle avec des données prospectives et développer la prédiction pronostique

L'orateur n'utiliserait pas le modèle à ce stade en pratique clinique, mais peut-être plus tard en fonction de l'évolution.



Compte-rendu de Valentine Borcic
valentine.borcic@gmail.com
Transmis par le laboratoire MGD
colloque@labomgd.ch