
Caractérisation de l'âge de détection des syndromes miéloprolifératifs comme une fonction de paramètres biologiques

Ana Fernández Baranda*¹

¹Centre de Mathématiques Appliquées - Ecole Polytechnique – Ecole Polytechnique – France

Résumé

Nous avons étudié l'évolution à travers le temps de la taille d'une population de cellules cancéreuses dans un individu. En particulier, le but était d'estimer la distribution des âges de détection de deux syndromes myéloprolifératifs (SMP) en présence de la mutation JAK2V617 : thrombocytémie essentielle et la maladie de Vaquez. Cette mutation se produit au niveau des cellules souches et est portée par sa descendance.

Une observation médicale que nous avons utilisée est que la détection se fait lorsque le nombre de cellules mutantes est au-dessus de $M = 10^{12}$, nous avons étudié l'âge de détection T_M . Cet âge a été supposé être compris de deux éléments :

- T_1 : temps de mutation active, c'est le temps pris pour apparaître et commencer à proliférer pour la première cellule souche JAK2V617F dont la descendance arrivera à la taille de détection,

- T_2 : temps de croissance de la première cellule souche proliférante JAK2V617F à la détection d'un SMP (temps de croissance SMP).

Ces deux temps ont été pris comme indépendants puisque le temps pris pour une cellule pour devenir active ne devrait pas être lié au temps pris pour sa population pour arriver à une certaine taille. Sous ces hypothèses, T_M est défini comme $T_M = T_1 + T_2$.

Nous avons étudié des différents modèles pour l'âge de détection des SMP en utilisant des jeux de données des âges de détection pour estimer les paramètres et tester s'ils peuvent correspondre aux données. Les modèles peuvent être divisés en deux catégories : ceux qui considèrent que le taux de mutation est constant au cours de la vie d'un individu, et ceux qui considèrent qu'il dépend de l'âge de l'individu.

La première catégorie de modèles part d'une hypothèse qui est communément vu dans la littérature. Cependant, nous avons trouvé que d'un point de vue statistique, ces modèles ne semblent pas pertinents pour expliquer les données de façon significative. Le deuxième type de modèles, en prenant l'hypothèse que le taux de mutation active grandit avec l'âge, semble pouvoir expliquer les données, en particulier lorsque l'on considère que le temps pour la population à arriver à la taille de détection présente de la variabilité.

Mots-Clés: statistiques, syndromes miéloprolifératifs, données médicales, cancer, modélisation

*Intervenant