

Prédire l'évolution de l'allergie au lait de vache chez l'enfant grâce à une approche multi-omics

L'apprentissage automatique (*machine learning* en anglais) est une approche de l'intelligence artificielle (IA) qui vise à donner aux machines la capacité « d'apprendre » à partir des données fournies. Cette approche permet de traiter de très grands volumes de données hétérogènes. En allergologie pédiatrique, elle pourrait permettre de prévoir l'évolution clinique de l'APLV.

L'allergie aux protéines de lait de vache (APLV) est l'une des allergies alimentaires les plus fréquentes chez l'enfant. Chez la majorité des enfants, elle disparaît spontanément dans les premières années de vie, sans que soient encore bien expliquées les raisons pour lesquelles une rémission survient chez certains et pas chez d'autres. Pouvoir prédire précisément cette évolution aurait un impact direct sur la prise en charge et le suivi.

Une équipe hollandaise a développé un modèle de *machine learning*, intégrant simultanément des données cliniques, immunologiques, métaboliques et microbiotiques (approche multi-omics). L'objectif était d'identifier des signatures précoces permettant de distinguer et de classer les enfants dont l'allergie est appelée à disparaître et ceux chez qui elle va persister. Au total, 40 nourrissons atteints d'APLV ont été suivis de la naissance jusqu'à 12 mois, et 2876 variables ont été utilisées pour entraîner le modèle.

Deux méthodes d'analyses des données ont été testées. La première combine tous les types de données (clinique, protéomique, etc.) sur l'ensemble des visites. La seconde affine l'analyse en séparant les données par âge de l'enfant.

Bonnes performances, et quelques signatures

Cette dernière méthode obtient de meilleures performances prédictives, avec des AUC (Area under the curve, marqueur de la performance globale du test) de 0,8-0,9 selon les échantillons, signe d'une très bonne discrimination.

Les analyses mettent en évidence plusieurs « signatures » associées à la résolution ou à la persistance de l'allergie : certaines bactéries intestinales, comme *Klebsiella* ou *Haemophilus*, des métabolites liés au métabolisme du tryptophane, de l'arginine, de la thréonine ou aux voies pyrimidiques, des cytokines et marqueurs immunitaires et des marqueurs cliniques tels que la sévérité de la dermatite atopique.

En résumé, cette étude conduit à deux constats majeurs. D'une part, elle démontre l'efficacité de l'approche multi-omics pour prédire l'évolution de l'APLV grâce à l'IA. D'autre part, la mise en évidence de voies métaboliques et immunitaires impliquées ouvre de nouvelles perspectives de recherche sur les

mécanismes de tolérance. Les auteurs précisent toutefois que ces observations préliminaires nécessitent une validation par l'analyse de cohortes plus larges.

Dr Roseline Péluchon

Hendrickx DM, Savova MV, Zhu P, et al. A multi-omics machine learning classifier for outgrowth of cow's milk allergy in children. Mol Omics. 2025 Jul 7;21(4):343-352. doi: 10.1039/d4mo00245h