

Prédiction du risque de déclin fonctionnel sur base de marqueurs transcriptomiques chez des patients hospitalisés âgés de 75 ans et plus

Nathan Gomrée¹, Marie de Saint-Hubert², Florence Chainiaux³, Benoît Bihin⁴



BUT DE L'ÉTUDE

L'objectif de l'étude SENEGENE 2 était d'identifier des marqueurs transcriptomiques permettant de prédire le risque de déclin fonctionnel chez des patients hospitalisés âgés de 75 ans et plus.

MÉTHODES

Des données cliniques et biologiques ont été récoltées auprès de 203 patients recrutés via le service des urgences des Cliniques Universitaires de Mont-Godinne. Une évaluation clinique gériatrique de base a été réalisée (évaluation du déclin fonctionnel au moyen de l'échelle de Katz, évaluation cognitive, évaluation des comorbidités...) et des échantillons sanguins ont été prélevés (mesure de paramètres biologiques, immunologiques et nutritionnels). Un follow-up à 3 mois était prévu pour réévaluer les données cliniques des patients. Pour 96 des 203 patients inclus, les échantillons sanguins récoltés ont été analysés par PCR quantitative (real-time polymerase chain reaction) afin de mesurer le niveau d'expression relatif d'un panel de 44 gènes en lien avec l'immunosénescence.

RÉSULTATS

Les résultats de l'étude montrent que le niveau d'expression des 44 gènes analysés n'est pas statistiquement modifié chez les patients présentant un déclin fonctionnel à 3 mois (perte d'au moins 1 point sur l'échelle de Katz).

CONCLUSION

L'analyse des résultats n'identifie pas de gène pouvant constituer un marqueur du déclin fonctionnel. Le coût de la technologie et la difficulté d'identifier ce qui relève du vieillissement physiologique ou pathologique constituent deux obstacles majeurs à la mise en œuvre d'analyses transcriptomiques telles que celle-ci mais l'intérêt de la transcriptomique en Gériatrie est réel.

Prediction of functional decline risk based on transcriptomic biomarkers in inpatients aged 75 or older

AIM OF THE STUDY

The aim of the SENEENE 2 study was to identify transcriptomic markers in order to predict functional decline in a population of inpatients aged 75 years and over.

METHODS

Clinical and biological data were collected from 203 inpatients enrolled via the Emergency Department of Mont-Godinne University Hospital. A comprehensive geriatric assessment was performed including functional decline assessment according to the Katz index, cognitive assessment, comorbidity assessment, etc., with blood samples collected to measure biological, immunological, and nutritional markers. A 3-month followup was then set up to reassess the patients' clinical status. Out of the 203 inpatients enrolled, 96 patients underwent quantitative PCR (*real-time polymerase chain reaction* or *qPCR*) carried out on the blood samples collected so that the relative expression levels of 44 genes linked to immunosenescence could be measured.

RESULTS

The study results revealed that the expression levels of the 44 genes were not statistically modified in the patient group exhibiting further functional decline 3 months later (loss of at least 1 point on the Katz index).

CONCLUSION

The result analysis has not been able to identify any gene that could act as a biomarker of functional decline. Although the cost of qPCR technology and the difficulty to distinguish normal from pathological ageing are two major obstacles to performing transcriptomic analysis like this one, it is of note that the role of transcriptomic in Geriatrics should not be underestimated.

AFFILIATIONS

1. UCLouvain, B-1200 Bruxelles
2. CHU UCL Namur, Service de Gériatrie, B-5000 Namur
3. UNamur, Unité de Recherche en Biologie Cellulaire, B-5000 Namur
4. CHU Mont-Godinne Unité de Support Scientifique, B-5530 Yvoir