

Proteomische biomarkers hebben een grote voorspellende waarde voor de overgang naar een psychose bij personen met Ultra High Risk

Proteomica is de studie van het proteoom. Het proteoom verwijst naar de volledige set eiwitten (proteïnen) die op een bepaald moment onder bepaalde omstandigheden door een specifieke cel, weefsel of organismen tot expressie worden gebracht en gemodificeerd. In deze internationale studie werd onderzocht of proteomische biomarkers van nut kunnen zijn bij het voorspellen of iemand met Ultra High Risk (UHR, Klinisch Hoog Risico) op een psychose daadwerkelijk een psychose ontwikkelt (studie I). Daarnaast werd bekeken of die biomarkers psychotische ervaringen in de algemene bevolking kunnen voorspellen (studie II). De data van studie I werden ontleend aan de European Network of National Schizophrenia Networks Studying Gene-Environment Interactions (EU-GEI)-studie (133 deelnemers met UHR). De UHR werd vastgesteld met de Comprehensive Assessment of At-Risk Mental States (CAARMS). Op baseline werden bloedplasma-monsters genomen, waaruit proteomische data werden verkregen; op baseline, na 12 en 24 maanden werden ook klinische beoordelingen uitgevoerd met de GAF, de SANS, de BPRS en de MADRS. Met behulp van support vector machine (SVM)-modellen (algoritmes) werden verschillende voorspellende modellen ontwikkeld. Van de 133 UHR-deelnemers kregen binnen 2 jaar 49 een psychose (=36,8%). De verschillende modellen bleken een zeer grote voorspellende waarde toe te kennen aan de proteomische kenmerken op baseline. Dat gold niet voor de klinische kenmerken. Bij degenen die een psychose ontwikkelden werd een ontregeling van de complement- en stollingscascades gevonden. Het gaat o.a. om de proteïnen C4BPA, A2M, IGHM, plasminogeen en C6. Studie II maakte gebruik van data uit de Avon Longitudinal Study of Parents and Children (ALSPAC) (121 deelnemers uit de algemene bevolking). Op 12 jaar werden plasmamonsters genomen. Op 18 jaar werd vastgesteld wie psychotische ervaringen (PE) had gehad. Het bleek dat 55 deelnemers PE's hadden meegemaakt (=45,5%) en dat de proteomische biomarkers een grote voorspellende waarde hadden. Het gaat o.a. om toename van plasminogeen, C1r, clusterin, complement factor H en afname van A2M en IGHM.

Mongan D, Föcking M, Healy C, Susai SR, Heurich M, Wynne K, Nelson B, McGorry PD, Amminger GP, Nordentoft M, Krebs MO, Riecher-Rössler A, Bressan RA, Barrantes-Vidal N, Borgwardt S, Ruhrmann S, Sachs G, Pantelis C, van der Gaag M, de Haan L, Valmaggia L, Pollak TA, Kempton MJ, Rutten BPF, Whelan R, Cannon M, Zammit S, Cagney G, Cotter DR, McGuire P; European Network of National Schizophrenia Networks Studying Gene-Environment Interactions (EU-GEI) High Risk Study Group 2021) .Development of Proteomic Prediction Models for Transition to Psychotic Disorder in the Clinical High-Risk State and Psychotic Experiences in Adolescence. JAMA Psychiatry. 2021 Jan 1;78(1):77-90.