

Développement d'une approche multimodale pour le phénotypage de l'asthme sur base d'analyse d'air exhalé

Pierre-Hugues Stefanuto¹

Delphine Zanella¹, Florence Schleich², Joeri Vercaemmen^{3,4}, Monique Henket², Renaud Louis², Jean-François Focant¹

1 – Organic and Biological Analytical Chemistry Group, Université de Liège, Liège, Belgium

2 – Université de Liège, CHU Sart-Tilman, Respiratory Medicine, GIGA I3, Liège, Belgium

3 – Interscience, Avenue J.E. Lenoir, Louvain-la-Neuve, Belgium

4 – Engineering, Industrial Catalysis and Adsorption Technology (INCAT), Ghent University, Ghent, Belgium

Contact : phstefanuto@uliege.be

Selon l'organisation mondiale de la santé, l'asthme et la BPCO représentent les maladies respiratoires chroniques les plus courantes, avec respectivement 235 et 65 millions de personnes concernées dans le monde. Ces maladies sont incurables. Néanmoins, diverses formes de traitement existent. Ils permettent de dilater les voies respiratoires et de soulager l'essoufflement, ce qui améliore la qualité de vie des patients. Cependant, le phénotypage de la maladie repose sur une analyse invasive des sputums (i.e., expectorations). En outre, les phénotypes d'inflammation neutrophilique et éosinophilique présentent des symptômes similaires mais nécessitent des approches thérapeutiques différentes. Pour augmenter la qualité de vie des patients, il faut améliorer l'identification et le suivi de ces phénotypes. Cela permettrait d'adapter rapidement le traitement.

Dans ce contexte, nous avons développé une approche de phénotypage basée sur l'air exhalé en utilisant la désorption thermique et la chromatographie exhaustive en phase gazeuse bidimensionnelle couplée à la spectrométrie de masse à haute résolution (TD-GC×GC-HRTOFMS). Cette méthode permet de phénotyper les patients avec des performances similaires à celles de la pratique clinique courante (précision 72 %, AUROC 0,72). En outre, la combinaison de l'haleine avec d'autres méthodes, telles que la FeNO et le comptage des cellules sanguines, augmente de manière significative les performances du modèle (précision 76 %, AUROC 87 %).

Nos efforts actuels visent à faciliter la transposition de la méthode en clinique et à mieux comprendre l'origine des marqueurs utilisés pour la classification. Pour faciliter cette transposition, nous avons travaillé sur une approche de spectrométrie de masse directe utilisant le SIFT-MS à balayage complet. Cette méthode permet de phénotyper des patients avec une précision d'environ 75 % en moins de 3 minutes. Le développement de cette technique a requis le développement et la mise en place de nouvelles méthodes d'analyse des données. Ces méthodes reposent sur le « machine learning ». Elles permettent la sélection des ions les plus discriminant et la construction de modèles de classification automatique.