

Etude comparative de deux logiciels de calcul du risque de Trisomie 21,13 et 18

G.Khammassi(1)*,A.Ba(2),Y.Neifar*(3),M.Ayoub(1),S.Aboulkacem(4),C.Mezigh(2)

1-Faculté de pharmacie de Monastir 2-Laboratoire biochimie de l'hôpital militaire principal d'instruction de Tunis 3-Faculté de médecine de Sfax 4-Faculté de médecine de Tunis

Introduction

Le dépistage de la trisomie 13,18 et 21 est une étape cruciale dans le suivi prénatal. Il est essentiel de comparer les logiciels utilisés dans le dépistage pour évaluer la comparabilité des résultats et justifier le passage d'un logiciel à un autre. Cette étude, la première de ce type, se concentre sur la comparaison de deux logiciels de dépistage de trisomie.

Objectif

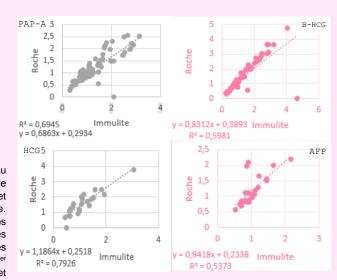
L'objectif de cette étude est d'évaluer la concordance des résultats obtenus avec les deux logiciels de dépistage de trisomie 13,18 et 21.

Méthodes

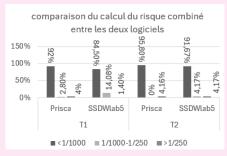
Une étude prospective et descriptive, menée au sein du service de biochimie durant une période de 1 mois allant du 14 août au 14 septembre 2024 et étudiant les résultats du dépistage de la trisomie. Les données cliniques et biologiques des participantes ont été collectées et analysées par les logiciels : Prisca et SSDWlab5. Les paramètres étudiés sont répartis en deux groupes : ceux du 1er trimestre, incluant PAPP-A et β-HCG, AFP et HCG pour le 2 ème trimestre. Les analyses statistiques ont été réalisées à l'aide du logiciel SPSS 26.

Résultats

L'étude a inclus 95 femmes enceintes. Le 1er groupe comprenait 71 femmes au 1er trimestre et le second comprenait 24 femmes au 2ème trimestre. Pour le 1er trimestre, le coefficient de corrélation entre les résultats des deux logiciels pour la PAPP-A et la $\beta\text{-HCG}$ a été respectivement de 0,7 et 0,6. Pour le 2ème trimestre, le coefficient de corrélation du HCG, a été de 0,8 alors que celui de l'AFP été de 0,5.



Étude de la corrélation des différents paramètres du 1er et du 2 ème trimestre



Discussion

Cette comparaison des logiciels de calcul du risque de Trisomie 21, 13 et 18 met en lumière des divergences significatives dans l'évaluation du risque entre les deux outils analysés. Les résultats montrent une bonne concordance pour certains biomarqueurs, comme la PAPP-A et la HCG, tandis que d'autres, tels que β-HCG et l'AFP, présentent une corrélation modérée. Ces différences suggèrent que chaque logiciel pourrait utiliser des algorithmes distincts ou des méthodes de traitement des données différentes. Par ailleurs, le fait que le logiciel Prisca identifie un plus grand nombre de femmes à risque inférieur à 1:1000 au second trimestre soulève des questions sur la sensibilité des logiciels. En revanche, la détection d'une patiente présentant un risque compris entre 1:1000 et 1:250 uniquement par SSDWlab5 met en lumière l'importance d'une approche multivariée pour évaluer le risque. Ces conclusions ont des implications cliniques significatives, car une évaluation précise du risque est essentielle pour la prise de décision. Il est donc crucial de continuer à évaluer et à comparer ces outils afin d'optimiser le dépistage des anomalies chromosomiques et d'améliorer la gestion des grossesses à risque.

Conclusion

Cette étude fournit des informations précieuses pour améliorer les soins prénataux et aider les cliniciens à choisir les outils de dépistage les plus appropriés. Aucun travail n'a comparé ces 2 outils, Des recherches supplémentaires sont nécessaires pour approfondir ces résultats et explorer d'autres facteurs pouvant influencer la concordance entre les logiciels de dépistage.