



Revista Clínica Española



<https://www.revclinesp.es>

RV-022 - SCORE ENVEJECIMIENTO: UNA HERRAMIENTA PRÁCTICA PARA PREDECIR EL ESTADO DE SENESCENCIA BIOLÓGICA

A. Ortiz-Morales, J. Alcalá-Díaz, F. Gómez-Delgado, A. León-Acuña, A. González-Requero, A. Arenas de Larriva, J. López-Miranda y P. Pérez-Martínez

Unidad de Gestión Clínica Medicina Interna. Hospital Universitario Reina Sofía. Córdoba.

Resumen

Objetivos: Desarrollar una herramienta predictiva para evaluar el grado de senescencia biológica en pacientes con alto riesgo coronario.

Material y métodos: Se determinó la longitud relativa de los telómeros (RTL) de 1002 pacientes coronarios del estudio CORDIOPREV (NCT00924937) al inicio del estudio, además de los marcadores de respuesta inflamatoria (hs-CRP, MCP-1, IL-6, IL-1, TNF, adiponectina, resistina y leptina), y marcadores de estrés oxidativo (óxido nítrico, productos de peroxidación de lípidos (LPO), proteínas carboniladas, catalasa, glutatión total, glutatión reducido, glutatión oxidado, superóxido dismutasa (SOD) y glutatión peroxidado). La senescencia biológica se definió como el valor igual o inferior al quintil más bajo de la RTL en nuestra población (RTL = 0,7629). Calculamos y validamos diferentes modelos predictivos para identificar la senescencia biológica mediante el análisis de regresión logística. Tres modelos fueron diseñados para ser utilizados con diferentes conjuntos de información. (Base model, Extended model, y Enhanced model).

Resultados: Se seleccionaron aquellos pacientes con todas las variables propuestas para desarrollar los modelos predictivos (n = 353). Se encontraron diferencias estadísticamente significativas entre ambos grupos (senescencia biológica frente a no senescencia biológica) para el colesterol total, catalasa, SOD, IL1, resistina y leptina. Los modelos más eficaces según la curva AUC de ROC para predecir la senescencia biológica fueron el extended model (AUC ROC = 0,75) y el enhanced model (AUC ROC = 0,72).

Discusión: La enfermedad cardiovascular se asocia con el envejecimiento, que puede estar influenciado por el RTL. Al mismo tiempo, la inflamación y estrés oxidativo influyen en la longitud de los telómeros. Por todo esto, diseñamos nuestros modelos de forma escalable, según las variables disponibles para cada paciente, añadiendo el cálculo del envejecimiento biológico a otros factores ya conocidos como hipertensión, diabetes mellitus, hipercolesterolemia, obesidad y tabaquismo, permitiendo una clasificación y manejo de los pacientes de forma precisa junto con un enfoque innovador.

Conclusiones: Este modelo predictivo nos permite analizar el grado de senescencia biológica e identificar un patrón de tratamiento personalizado basado en el perfil clínico y biológico de los pacientes.

Bibliografía

1. Rehkopf DH, Needham BL, Lin J, et al. Leukocyte Telomere Length in Relation to 17 Biomarkers of Cardiovascular Disease Risk: A Cross-Sectional Study of Us Adults. PLoS Med.

