

Ассоциация межгенных взаимодействия полиморфизмов генов цитокинов с риском носительства *S. aureus* у ЧБД

Научный руководитель – Покудина Инна Олеговна

Пешеходько Елизавета Павловна

Студент (магистр)

Южный федеральный университет, Академия биологии и биотехнологии им. Дмитрия Иосифовича Иванковского, Кафедра генетики, Ростов-на-Дону, Россия

E-mail: peshehodkoliza@mail.ru

Часто болеющие дети (ЧБД), доля которых может составлять до 75 % педиатрической популяции, имеют более высокий уровень заболеваемости острыми респираторными инфекциями, чем их сверстники [2]. Дополнительную сложность проблемы ЧБД определяют бактериальные инфекции, осложняющие течение болезни. Особое значение в данном отношении имеет *Staphylococcus aureus*.

Ведущая роль в обеспечении иммунных реакций принадлежит цитокиновой системе, обладающей широким спектром биологических эффектов. Её функционирование определяется генетическими механизмами, базирующимися как на структуре и экспрессии отдельных генов, так и на межгенных взаимодействиях [1].

Цель исследования - изучить вклад межгенных взаимодействий полиморфизмов А-308G *TNF α* , Т-31С *IL-1 β* , С-589Т *IL-4*, G-197А *IL-17А* и g.39743165Т>G *IL-28В* в носоглоточное носительство *S. aureus* у ЧБД.

Материалы и методы. В исследование включены данные генотипирования по пяти исследуемым полиморфизмам генов цитокинов у 49 ЧБД с носоглоточным носительством *S. aureus* и 49 - без него. Определение SNPs проведено с помощью аллель-специфической ПЦР. Анализ межгенных взаимодействий проведен при помощи метода Multifactor Dimensionality Reduction (MDR).

Результаты. Наибольший вклад в риск носительства *S. aureus* вносит С-589Т *IL-4* (8,41%) (рисунок 1). Выявленный синергизм выявлен между G-197А *IL-17А* и g.39743165Т>G *IL-28В*, а также G -197А *IL-17А* и Т-31С *IL-1 β* (3,92% и 3,14% энтропии соответственно). Выявленный антагонизм обнаружен между Т-31С *IL-1 β* и С-589Т *IL-4* (-2,61% энтропии).

Выявлена статистически значимая пятилокусная модель межгенных взаимодействий «Т-31С_ *IL-1 β* , С-589Т_ *IL-4*, G-197А_ *IL-17А*, g.39743165Т>G_ *IL-28В*, А-308G_ *TNF α* » с коэффициентом перекрестной проверки 10/10 и точностью предсказания 0,5925. Однако ген-генные взаимодействия SNPs, входящих в данную модель, не влияют на риск носительства *S. aureus* (OR=2,139, 95%CI 0,1594-28,7059).

Выводы. В результате анализа межгенных взаимодействий исследованных полиморфизмов генов цитокинов получены данные, не подтверждающие их ассоциацию с риском носоглоточного носительства *S. aureus* (OR=2,139, 95%CI 0,1594-28,7059) у ЧБД. Однако установлено, что наибольший вклад в риск инфицирования вносит замена С-589Т *IL-4*.

Исследование выполнено при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования РФ в рамках государственного задания в сфере научной деятельности № 0852-2020-0028.

Источники и литература

- 1) Бодиенкова Г. М., Титова Ж.В. Роль полиморфизма и экспрессии отдельных генов цитокинов в формировании патологии (обзор) // Успехи современного естествознания. 2015, №1-4. С. 616-620.

- 2) Сачкова Л.А., Балашов А.Л., Трухманов М.С. Часто болеющие дети // University Therapeutic Journal. 2020, Т.2, №4. С. 75-85.

Иллюстрации

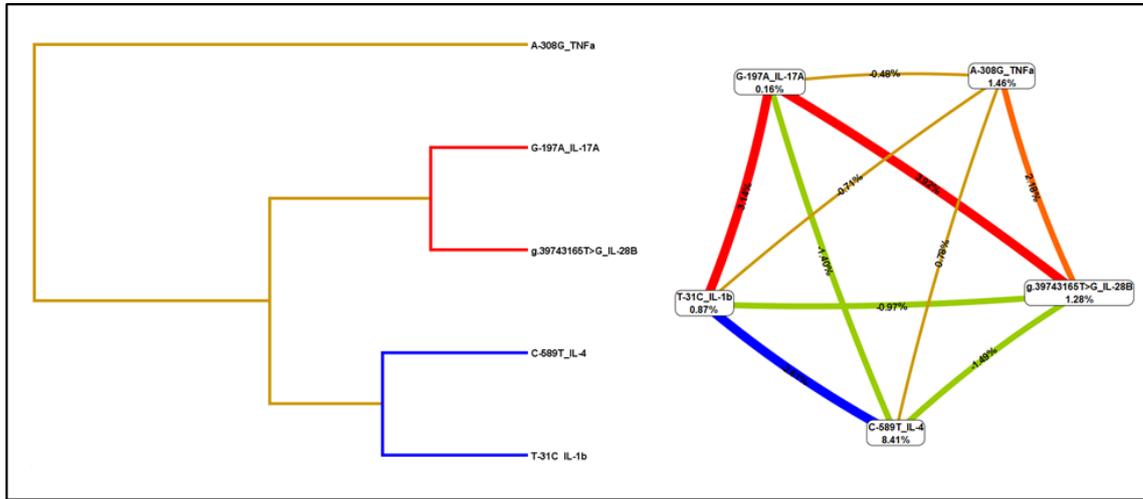


Рис. 1. Дендрограмма и схема Фрюхтерман–Рейнгольда для межгенных взаимодействий у ЧБД (Примечание: синий и зеленый цвет – выраженный и умеренный антагонизм, коричневый – аддитивное взаимодействие, оранжевый и красный – умеренный и выраженный синергизм)