

Ассоциация полиморфизмов генов Toll-подобных рецепторов с риском инфицирования *S. aureus* у детей

Научный руководитель – Покудина Инна Олеговна

Пешеходько Елизавета Павловна

Студент (магистр)

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

E-mail: peshehodkoliza@mail.ru

Среди патологий детского возраста одно из лидирующих мест занимают острые респираторные инфекции (ОРИ). При этом в педиатрической популяции есть дети, которые отличаются от сверстников более высоким уровнем респираторной заболеваемости. Это часто болеющие дети (ЧБД), удельный вес которых может варьировать от 3 до 75 % [2].

Причиной развития ОРИ преимущественно являются вирусы. Однако часто они осложняются бактериальными инфекциями, особое место в этиологии которых занимает *Staphylococcus aureus* [2].

Эффективная профилактика и реабилитация ЧБД возможна только при учёте их индивидуальных особенностей, в том числе генетических.

На сегодняшний день активно исследуются структура и функции ключевых рецепторов врожденного иммунитета - Toll-подобных рецепторов (TLRs). Их функции - распознавание патоген-специфичных молекул, активация врожденного иммунитета и участие в инициации адаптивного [1]. Мутации в генах TLRs могут приводить к нарушению структуры и функций экспрессируемых белков, что влияет на риск развития инфекций [1, 4]. Для стафилококковой инфекции показана роль двух представителей TLRs - TLR2 и TLR9 [3, 4].

Целью данной работы стало установить наличие ассоциаций между полиморфизмами Arg753Gln гена *TLR2* и T-1237C гена *TLR9* и носоглоточным носительством *S. aureus* у ЧБД.

В результате исследования полиморфизма Arg753Gln гена *TLR2* различий в соотношении частот аллелей ($\chi^2=0,84$; $p=0,358$) и генотипов ($\chi^2=0,926$; $p=0,63$) между носителями *S. aureus* и контрольной группой не обнаружено.

Для полиморфизма T-1237C гена *TLR9* выявлены статистически значимые различия в распределении частот аллелей ($\chi^2=8,161$; $p=0,005$) и генотипов ($\chi^2=7,538$; $p=0,024$) между ЧБД с *S. aureus* и контролем. Гетерозиготы имеют повышенный риск инфицирования стафилококком (OR=5,85; 95 % CI 1,03-32,79), а доминантные гомозиготы более устойчивы к инфекции (OR=0,11; 95 % CI 0,02-0,63).

Проведенное исследование показало, что гетерозиготный генотип T/C по полиморфизму T-1237C гена *TLR9* является фактором риска носительства *S. aureus* у ЧБД, а дикий гомозиготный генотип T/T - фактором, снижающим этот риск.

Источники и литература

- 1) Байке Е.Е., Богодухова Е.С. Современные представления о роли Toll-подобных рецепторов в патогенезе инфекционных и неинфекционных заболеваний // Дальневост. мед. журн. 2015. №4. С. 38-43.
- 2) Крюков А.И., Кунельская Н.Л., Ивойлов А.Ю., Мачулин А.И., Яновский В.В. Особенности клиники и лечения воспалительных заболеваний ЛОР-органов у часто болеющих детей // Вестник оториноларингологии. 2018. Т.83, №1. С. 81-84.

- 3) Nurjadi D., Heeg K., Weber A.N.R., Zanger P. Toll-like receptor 9 (TLR-9) promotor polymorphisms and gene expression are associated with persistent *Staphylococcus aureus* nasal carriage // *Clin. Microbiol. Infect.* 2018. 24(11). P. 1210.e7-1210.e12.
- 4) Skevaki C., Pararas M., Kostelidou K., Tsakris A., Routsias J.G. Single nucleotide polymorphisms of Toll-like receptors and susceptibility to infectious diseases // *Clin. Exp. Immunol.* 2015. 180(2). P. 165-177.