

Гриппа Т.Р., Постоляко С.А.

**БИОИНФОРМАТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ДАННЫХ ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ
ИММУНОКОМПЕТЕНТНЫХ КЛЕТОК ПРИ ВЗАИМОДЕЙСТВИИ
СО СТРУКТУРНЫМИ КОМПОНЕНТАМИ *NEISSERIA MENINGITIDIS***

Научный руководитель: ассист. Чехович Н.И.

Кафедра микробиологии, вирусологии, иммунологии

Белорусский государственный медицинский университет, г. Минск

Актуальность. В настоящее время инвазивные бактериальные заболевания (ИБЗ) являются серьезнейшей проблемой здравоохранения в мировом масштабе, включая Республику Беларусь. Бактериальный менингит является наиболее значимым, поскольку представляет собой жизнеугрожающее состояние, требует быстрого и своевременного лечения. После периода новорожденности наиболее распространенными причинами бактериальных менингитов являются такие возбудители, как *Neisseria meningitidis*, *Streptococcus pneumoniae* и *Haemophilus influenzae*. Новые приоритетные данные, характеризующие транскриптом генов, отвечающих на воздействие бактерий, выявление групп генов высоко- и низкоотвечающих на стимуляцию, установление функциональных связей и закономерностей регуляции позволяет транслировать новую информацию в практические решения, повышающие эффективность лабораторной диагностики ИБЗ.

Цель: определение каскадных взаимодействий между паттернами бактерий (*N. meningitidis*) с рецепторными и сигналпроводящими системами иммунокомпетентных клеток хозяина и адресованными генам или их комплексами, изменяющими уровень и направленность экспрессии генов (повышение/снижение/ выключение).

Материалы и методы. Изоляты микроорганизмов *N. meningitidis*. Образцы мРНК и ДНК клеток, подвергшихся воздействию бактериальных препаратов из изолятов *N. meningitidis*. Значение экспрессии 96 генов на биочипах Arrayit Dendritic & Antigen Presenting Cell Pathways Microarrays под влиянием липополисахарида (ЛПС) кишечной палочки и инактивированных бактерий, их клеточных стенок.

Результаты и их обсуждение. Максимальный уровень экспрессии проявили мононуклеары, активированные клеточными стенками *N. meningitidis*. Гены, которые дифференцированно изменили свою экспрессию: *TLR2*, *CCL3*, *CXCL12*, *TNF*, *IFNG*. Значения экспрессии данных генов со статистической достоверностью ($p < 0,05$) отличаются от контрольных образцов. Увеличение экспрессии генов *TLR2*, *CCL3*, *CXCL12*, *TNF*, *IFNG* подтверждает активаторный потенциал микроорганизмов и их компонентов. Для сравнения, из всего множества генов на биочипе были выбраны гены с повышенной активностью. Сопоставление проводилось с контрольными образцами – отрицательный контроль (интактные клетки) и положительный контроль (ЛПС *E.coli*).

Выводы: методика ДНК-микрээррей, связанная с исследованием экспрессионной активности множества генов одновременно, является одной из наиболее реалистичных для скрининга генов - кандидатов на роль маркеров активности микроорганизмов и их продуктов. В нашем исследовании компоненты бактерий *N. meningitidis*, а также сами бактерии оказывают активирующее действие на иммунокомпетентные клетки, тем самым индуцируя их созревание и активацию.