

Сергиенко Е.Н.¹, Романова О.Н.¹, Фомина Е.Г.²,
Зверко В.В.²

ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНОВ ВРОЖДЕННОГО ИММУНИТЕТА ПРИ СЕПСИСЕ У ДЕТЕЙ

¹УО «Белорусский государственный медицинский университет», Минск, РБ

²НИИ гигиены, токсикологии, эпидемиологии, вирусологии и микробиологии ГУ «Республиканский центр гигиены, эпидемиологии и общественного здоровья»

Согласно классическим методам популяционной генетики, генетическая предрасположенность является важным фактором, определяющим тяжесть течения сепсиса и его исход. Широко изучается взаимосвязь между генетическим полиморфизмом и сепсисом, с особым вниманием к генам, кодирующим белки, участвующие в распознавании патогенов и запуске иммунного ответа. Все больше доказательств указывает на то, что генетические вариации, связанные с врожденным иммунитетом, могут влиять на восприимчивость пациентов к тяжелым инфекциям и сепсису. Изменения в этих генах могут приводить к нарушению их работы, что сказывается на интенсивности иммунного ответа. Это может выражаться как в гиперактивации иммунной системы с выделением большого количества провоспалительных цитокинов («цитокиновый шторм»), что ведет к полиорганной недостаточности, так и в ослаблении иммунитета из-за недостаточного синтеза этих цитокинов.

Цель исследования: выявление возможного полиморфизма генов, кодирующих молекулы врожденного иммунитета у детей с сепсисом.

Для проведения исследования было обследовано 123 ребенка в возрасте от 1 месяца до 18 лет. Основная группа состояла из 52 пациентов с сепсисом и 36 пациентов с бактериальными инфекциями. В качестве контрольной группы были включены 35 здоровых детей. Генетический анализ был направлен на изучение полиморфизмов в генах, кодирующих цитокины TNF- (G308A), LTA (G+252A), IL-4 (C-589T), IL-6 (C-174G), IL-8 (A251T), IL-10 (G-1082A), а также в генах рецепторов TLR-2 (G2258A) и TLR-4 (A896G).

Установлена связь между определенными генетическими полиморфизмами и риском развития сепсиса. В частности, генотип G/G по полиморфизму G2258A гена TLR2 был ассоциирован с повышенным риском сепсиса (отношение шансов (OR) = 4,154; 95% доверительный интервал (ДИ) 1,166-14,803; $p=0,01$). Также, генотип C/G полиморфизма C-174G гена IL-6 ассоциирован с увеличением риска развития сепсиса (OR = 2,4; 95% ДИ 0,998-5,77; $p=0,03$). Анализ частоты генотипов выявил, что у детей с сепсисом генотип G/G по полиморфизму G2258A гена TLR4 встречался в 92,3% случаев, что выше, чем в контрольной группе (74,3%). Аналогично, для полиморфизма C-174G гена IL-6, генотип C/G был обнаружен у 61,5% детей с сепсисом, в то время как в контрольной группе этот показатель составил 40%. Полученные данные свидетельствуют о потенциальной роли исследованных генетических маркеров в предрасположенности к развитию сепсиса у детей. Статистических различий при сравнении с группой пациентов с бактериальными инфекциями не было установлено.

Результаты данного исследования свидетельствуют о том, что полиморфизмы G2258A гена TLR2 и C-174G гена IL-6 являются факторами, ассоциированными с риском

развития сепсиса. Эти генетические вариации могут изменять экспрессию генов, влияя на исход сепсиса. Выявление генетических полиморфизмов, способных прогнозировать предрасположенность к сепсису и неблагоприятные исходы, не только углубляет наше понимание патофизиологии, но и открывает возможности для снижения рисков осложнений и неблагоприятных исходов.

Сивец Н.В., Шмелева Н.П.

ОСТРЫЕ РЕСПИРАТОРНЫЕ ВИРУСНЫЕ ИНФЕКЦИИ У ДЕТЕЙ ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ И НЕДООЦЕНЕННОЕ БРЕМЯ

Научно-исследовательский институт гигиены, токсикологии, эпидемиологии, вирусологии и микробиологии государственного учреждения «Республиканский центр гигиены, эпидемиологии и общественного здоровья», г. Минск, Республика Беларусь

Острые респираторные вирусные инфекции (ОРВИ) являются основной причиной инфекций у детей во всем мире и одной из самых частых причин обращения за медицинской помощью и госпитализации. ОРВИ — это огромное экономическое бремя для общества с точки зрения расходов на посещение врачей. Этиология острых респираторных инфекций у детей различается в зависимости от региона из-за климата, географического положения и численности населения даже в пределах одной страны. Риновирус (РВ), респираторно-синцитиальный вирус (РС), вирусы гриппа А и В (ВГ), аденовирусы (АД), бокапарвовирус (БВ), метапневмовирус (МПВ), вирусы парагриппа (ПГ) и коронавирусы (КВ) считаются основными патогенами в этиологии ОРВИ. Несмотря на то, что инфекция обычно протекает в легкой форме, более 30% детей нуждаются в госпитализации. Более глубокое понимание этиологии острых вирусных инфекций дыхательных путей у госпитализированных детей играет ключевую роль в разработке будущих стратегий профилактики, контроля и лечения ОРВИ.

Целью данного исследования было изучение вирусной этиологии респираторных инфекций у детей, находящихся на стационарном лечении в сезон 2024-2025 гг.

Материал для исследования. Исследовали назофарингеальные мазки от госпитализированных детей с симптомами ОРВИ в возрасте от 0 до 18 лет в период 2024 — 2025 гг. Генетический материал вирусов выявляли методом ПЦР в режиме реального времени с использованием наборов реагентов «НуклеСорб», «РЕВЕРТАЗА - М-MuLV-50», «Флу-ген», «ОРВИ-ген», «COVID-19-скрин» (РЦГЭиОЗ, г. Минск, Республика Беларусь) в соответствии с рекомендациями производителя.

Результаты. За анализируемый период было исследовано 1042 образца, генетический материал респираторных вирусов выявлен в 586 (56,0%) назофарингиальных мазках. В этиологии ОРВИ доминировали негриппозные вирусы (55,6%), доля вирусов гриппа составила 42,2% (246 образцов), доля SARS-CoV-2 — 2,2% (13 образцов). Среди негриппозных возбудителей доминировали РС (17,3%, 101), РВ (14,8%, 86) и БВ (6,9%, 40). Анализ тяжести течения ОРВИ показал, что 18,5% (108) всех верифицированных случаев были ассоциированы с тяжелым течением заболевания (ТОРИ), у 9,8% (57) пациентов наблюдали развитие, 2,4%

МИНИСТЕРСТВО ЗДРАВООХРАНЕНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
УЧРЕЖДЕНИЕ ОБРАЗОВАНИЯ «ГОМЕЛЬСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ МЕДИЦИНСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ»
НАУЧНОЕ ОБЩЕСТВО ИНФЕКЦИОНИСТОВ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
МЕЖДУНАРОДНАЯ ОБЩЕСТВЕННАЯ ОРГАНИЗАЦИЯ «ЕВРО-АЗИАТСКОЕ ОБЩЕСТВО
ПО ИНФЕКЦИОННЫМ БОЛЕЗНЯМ»
ООО «МАЙМЕДИАМЕД»
ООО «МАЙС ПАРТНЕР»

**ТРЕТИЙ ГОМЕЛЬСКИЙ
МЕЖДУНАРОДНЫЙ
КОНГРЕСС
ИНФЕКЦИОННЫЕ БОЛЕЗНИ,
МИКРОБИОЛОГИЯ
И ИММУНОЛОГИЯ**

**11–12 сентября 2025 года
Гомель
Беларусь**