

ТРУДЫ МЕЖДУНАРОДНОЙ НАУЧНОЙ КОНФЕРЕНЦИИ
«ФУНДАМЕНТАЛЬНЫЕ И ПРИКЛАДНЫЕ НАУКИ – МЕДИЦИНЕ»

О. Ю. ПАРХОМЧУК¹, Е. Г. ФОМИНА¹, Э. А. ДОЦЕНКО², З. Г. ЮПАТОВА², Т. П. НОВИКОВА²
ИССЛЕДОВАНИЕ ГЕНОВ-ПРЕДИКТОРОВ РАЗВИТИЯ ПОЛЛИНОЗА

¹ Государственное учреждение «Республиканский центр гигиены, эпидемиологии и общественного здоровья»,
г. Минск, Республика Беларусь

² Учреждение образования «Белорусский государственный медицинский университет»,
г. Минск, Республика Беларусь

Актуальность. Пыльцевая аллергия занимает одно из ведущих мест среди аллергических заболеваний. Поллиноз – хроническое сезонное заболевание, причиной которого является аллергическая реакция на пыльцу растений, клинически проявляющаяся в виде аллергического ринита и/или конъюнктивита. Этиологическим фактором формирования поллиноза являются аллергены пыльцы деревьев, злаковых и сорных трав. Известно, что доля пыльцевой аллергии среди всех аллергических заболеваний достигает 40 % [Мигачёва Н.Б., 2022; Zhang Y. et al., 2021]. Помимо факторов окружающей среды на формирование аллергических заболеваний, в том числе и поллиноза, влияние оказывают и наследственные факторы. В настоящее время во всем мире ведется активный поиск генов, влияющих на развитие той или иной аллергопатологии. Актуальной стороной таких исследований служит изучение полиморфных вариантов генов, кодирующих белки, участвующие в иммунном ответе на воздействие аллергенов [Ober C. et al., 2011; Zhang Y. et al., 2021; Ferreira M. et al., 2020].

Цель. Поиск возможных предикторов развития поллиноза на основании изучения распределения полиморфных вариантов генов, кодирующих белки, участвующие в иммунном ответе на воздействие аллергенов (TNF α , IL4, ADAM33, FLG, HLA) среди лиц, проживающих на территории Республики Беларусь.

Материалы и методы исследования. Использованы образцы цельной периферической крови добровольцев, проживающих на территории Беларуси. Возраст исследуемых лиц составил 15–55 лет.

Экстракцию геномной ДНК осуществляли методом преципитации с использованием набора реагентов «Рибо-преп» (ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора, РФ) согласно инструкции производителя.

Для амплификации полиморфных областей генов, кодирующих белки IL-4, TNF α , ADAM33, FLG применен метод ПЦР с последующим анализом полученных фрагментов исследуемых генов с использованием метода полиморфизма длины рестрикционных фрагментов (ПДРФ). Детекция аллеля/групп аллелей генов системы HLA осуществлялась с использованием метода ПЦР с гибридизационно-флуоресцентной детекцией продуктов амплификации в режиме реального времени (ПЦР-РВ).

При статистической обработке полученных данных использовали расчет отношения шансов с 95 % доверительным интервалом. В качестве критерия достоверности различий показателей принимали уровень значимости $p < 0,05$. Для оценки соответствия распределения генотипов ожидаемым значениям использовали закон равновесия Харди-Вайнберга.

Результаты. В исследовании приняло участие суммарно 312 респондентов. Группу пациентов с поллинозом (группа исследования) составили 130 человек, группу «атопического контроля» – 63, группа отрицательного контроля насчитывает 119 добровольцев.

Проведён анализ частоты встречаемости однонуклеотидных полиморфизмов (ОНП) генов TNF α (rs1800629, G-308A), IL-4 (rs2243250, C-589T), ADAM33 (rs2280089, T+1 G/A), FLG (rs61816761, R501X), аллеля HLA-DQB1*03:01 и групп аллелей (HLA-DQB1*03:01, HLA-DQB1*04, HLA-DQB1*05, HLA-DRB1*08) генов системы HLA. Установлено статистически значимое различие при изучении распределения частот аллеля HLA-DQB1*03:01 между группами отрицательного контроля и исследования (ОШ = 2,081; 95 % ДИ: 1,181–3,667, $p < 0,05$).

Заключение. Исследован ряд генов системы HLA и ОНП полиморфных вариантов генов IL-4, TNF α , ADAM33, FLG, которые, по данным литературы, в определённых популяциях ассоциированы с развитием поллиноза или являются маркерами резистентности к формированию данного заболевания [Jiang F. et al., 2021; Cheng L. et al., 2004; Cui Q. et al., 2021; Weidinger S. et al.; Андреева Е.Е. и др., 2010]. Анализ частоты встречаемости исследуемых аллеля/групп аллелей и ОНП изучаемых генов показал, что показателем риска формирования пыльцевой аллергии у лиц, проживающих на территории Республики Беларусь, является аллель HLA-DQB1*03:01 гена HLA-DQB1.

Результаты исследования могут быть использованы в комплексе медицинских услуг превентивной персонализированной медицины, направленных на прогнозирование развития поллиноза.