

Влияние полиморфизма генов на развитие сепсиса у детей

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

¹УО «Белорусский государственный медицинский университет», Минск, Республика Беларусь;

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

Цель исследования. Определение возможных генетических вариаций (полиморфизмов) в генах, отвечающих за молекулы врожденного иммунитета, у детей 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- α (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).

Была установлена корреляция между некоторыми генетическими вариациями и повышенным риском развития сепсиса. Так, генотип G/G по полиморфизму G2258A гена TLR2 ассоциирован со значительным увеличением шансов развития сепсиса (OR = 4,154; 95% ДИ 1,166–14,803; $p = 0,01$). Аналогично, генотип C/G полиморфизма C-174G гена IL-6 также показал связь с увеличением риска сепсиса (OR = 2,4; 95% ДИ 0,998–5,77; $p = 0,03$). Анализ частоты генотипов у детей с сепсисом выявил, что генотип G/G по полиморфизму G2258A гена *TLR4* встречается в 92,3% случаев, что статистически значимо выше, чем в контрольной группе (74,3%). Для полиморфизма C-174G гена *IL-6*, генотип C/G был обнаружен у 61,5% детей с сепсисом, в отличие от 40% в контрольной группе. Эти данные указывают на потенциальную роль исследованных генетических маркеров в предрасположенности к сепсису у детей. При этом, сравнение с группой пациентов с бактериальными инфекциями не выявило статистически значимых различий в частоте данных генотипов.

Полученные в ходе данного исследования данные указывают на ассоциацию полиморфизмов G2258A гена *TLR2* и C-174G гена *IL-6* с повышенным риском развития сепсиса. Эти генетические вариации могут оказывать влияние на регуляцию экспрессии соответствующих генов, что, в свою очередь, может модулировать патофизиологические процессы, лежащие в основе сепсиса, и влиять на его клинические исходы. Выявление генетических полиморфизмов, обладающих прогностической ценностью в отношении предрасположенности к сепсису и вероятности неблагоприятных исходов, не только способствует более глубокому пониманию патогенеза сепсиса, но и открывает новые возможности для разработки стратегий профилактики и снижения риска развития осложнений.

СБОРНИК ТЕЗИСОВ
V Ежегодной конференции
по инфекционным болезням
«ПОКРОВСКИЕ ЧТЕНИЯ»

Москва, 27–28 октября 2025 года