

**Анализ полиморфизмов генов *IL2* и *IL10* у часто болеющих детей с персистирующими герпесвирусными инфекциями.**

**Научный руководитель – Машкина Елена Владимировна**

**Макарова Юлия Александровна**

*Аспирант*

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

*E-mail: Alex774makarov@mail.ru*

Герпесвирусная инфекция представляет собой одну из самых распространённых инфекций человека, является одним из факторов, лежащих в основе изменений в системах адаптации часто болеющих детей [1]. Особенности клинического течения и возможности персистенции герпесвирусных инфекций связаны и с гетерогенностью самого возбудителя и с иммунным статусом человека [1]. Цитокиновая сеть играет особую роль в становлении адекватного иммунного ответа организма при герпесвирусной инфекции. Генетика цитокинов влияет на уровень данных молекул в крови человека, на их функциональную активность, что может оказывать влияние на иммунный ответ организма, клиническое течение и исход болезни, а также на резистентность организма к различными вирусам [2]. Целью настоящего исследования является выявление ассоциации SNP генов *IL10*, *IL2* с иммунным статусом часто болеющих детей.

При проведении исследования использовали образцы ДНК, выделенные из лейкоцитов периферической крови 76 часто болеющих детей. Для проведения анализа уровня IgG к ЦМВ и ВЭБ использовали метод твердофазного иммуноферментного анализа. Определение иммунного статуса часто болеющих детей выполнено методом проточной цитометрии. Анализ полиморфных вариантов генов цитокинов rs2069762 и rs1800896 осуществлен методом аллель-специфичной ПЦР. Статистическую обработку данных проводили с помощью программы Microsoft Excel (2016).

В результате проведенного исследования выявлены значимые различия в частотах распределения генотипов гена *IL10* по полиморфизму  $-1082G>A$  между группой часто болеющих детей с Эпштейна-Барр вирусной инфекцией и группой серонегативных детей ( $p<0,05$ ). Генотип  $-1082GA$  является преобладающим в группе часто болеющих детей с Эпштейна-Барр вирусной инфекции, в то время как генотип  $-1082AA$  преобладает в группе серонегативных детей. Анализ корреляционных связей между показателями клеточного и гуморального звеньев иммунитета и полиморфными вариантами генов *IL2*, *IL10* показал прямую корреляционную связь между генотипом  $-330TT$  гена *IL2* и уровнем содержания общего IgM в группе часто болеющих детей с ВЭБ, генотипом  $-1082GG$  гена *IL10* и содержанием В-лимфоцитов, а также обратную корреляционную связь между генотипом  $-1082GG$  гена *IL10* и относительным содержанием НК-клеток в группе часто болеющих детей с ВЭБ и ЦМВ ( $p<0,05$ ).

Полученные результаты могут указывать на роль полиморфных вариантов генов цитокинов в формировании иммунного ответа организма на герпесвирусы.

Исследование выполнено при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования РФ в рамках гос. задания в сфере научной деятельности № 0852-2020-0028.

**Источники и литература**

- 1) 1. Волянский А.Ю., Кучма М.В., Колотова Т.Ю. и др. Влияние герпесвирусной инфекции на иммунную систему и иммунный ответ организма на вакцинацию // *Аннали Мечниковського інституту*. 2016. №. 3. С. 31-44.

- 2) 2. Sakharkar P., Deb S. Cytokine Gene Polymorphisms and Viral Infections // Journal of Basic and Clinical Pharmacy. 2017. V.8., №. S1. P. 96-97.