Молекулярно-генетические особенности рестриктивной кардиомиопатии у российских детей

Научный руководитель - Савостьянов Кирилл Викторович

Рябова Екатерина Евгеньевна

Студент (специалист)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Факультет фундаментальной медицины, Кафедра физиологии и общей патологии, Москва, Россия E-mail: katetobi@gmail.com

Рестриктивная кардиомиопатия (РКМП) определяется как патологическое состояние, характеризующееся рестриктивной физиологией желудочков при наличии нормального или уменьшенного диастолического объема (одного или обоих желудочков), нормального или уменьшенного систолического объема и нормальной толщины стенки желудочка [3,4]. Рестриктивная кардиомиопатия (РКМП) относится к группе редких кардиомиопатий. Данное состояние приводит к нарушению расслабления желудочков в диастолу и нарастанию сердечной недостаточности, требующей в дальнейшем трансплантации сердца у детей. РКМП, являясь полиэтиологическим заболеванием [5], преимущественно генетической этиологии, требует ранней диагностики для прогнозирования лечения и подготовки ребёнка к трансплантации. Причиной развития РКМП могут являться патогенные варианты в генах, кодирующих саркомерные и цитосклетные белки МҮН7, АСТС, МҮВРС3, ТNNI3 и TNNT2 [1]. В США на долю РКМП и других недилатационных или гипертрофических кардиомиопатий приходится до 3% среди всех кардиомиопатий у детей младше 18 лет [2]. В России в настоящее время нет точных данных по распространённости РКМП.

Целью нашей работы было определение относительных частот и спектра патогенных вариантов генома у российских детей с РКМП.

В исследование было включено 619 детей с кардиомиопатиями. Всем детям проводилось молекулярно-генетическое исследование таргетных областей 408 генов, ответственных за развитие различных кардиомиопатий и каналопатий, методом массового параллельного секвенирования.

В результате исследования у 30 детей с РКМП (средний возраст 8 лет 3,5 месяца, медиана возраста 7 лет 8 месяцев) в 19 различных генах было выявлено 37 нуклеотидных вариантов, 18 из которых были описаны ранее как патогенные. У 19 (63,3%) детей были выявлены нуклеотидные варианты в генах саркомеров, тогда как нуклеотидные варианты в других генах встретились у 11 (36,7%) детей. Нуклеотидные варианты в одном гене были выявлены у 23 (76,7%) детей, тогда как варианты в нескольких генах были обнаружены нами у 7 (23,3%) детей.

Чаще других встречались варианты в гене TNNI3. Они были выявлены у 7 (23,3%) детей с РКМП и представлены пятью различными нуклеотидными вариантами в гене TNNI3. По четыре варианта обнаружено в генах TPM1 и MYH7, по три варианта в генах FLNC и DES, два нуклеотидных варианта найдены в гене TNNT2 и по одному нуклеотидному варианту в генах DSG2, FHL1, JUP, LMNA, LZTR1, MYBPC3, MYL2, NEBL, PRKAG2, PTPN11, RYR2, TBX20 и VCL. Лишь три мутации - c.575G>A и c.509G>A в гене TNNI3 и c.484G>A в гене MYL2, были выявлены нами дважды, тогда как остальные нуклеотидные варианты были уникальными, что говорит о большой генетической гетерогенности российских детей с $PKM\Pi$.

Выводы: Впервые в России определены относительные частоты и спектр патогенных вариантов генома в группе российских детей с РКМП.

Источники и литература

- 1) Семернин Е. Н., Князева А. А., Вершинина Т. Л. И др. Генетический спектр идиопатической рестриктивной кардиомиопатии— 2017— С. 39–46.
- 2) Denfield S. W. Clinical Features of Restrictive Cardiomyopathy and Constrictive Pericarditis / Denfield, S. W., Elsevier Inc., 2018. 215–238 c.
- 3) Elliott P., Charron P., Blanes J. R. G. et al. European cardiomyopathy pilot registry: EURObservational research programme of the European society of cardiology // European Heart Journal. 2016. Vol. 37, N 2. P. 164–173.
- 4) Kostareva A., Kiselev A., Gudkova A. et al. Genetic spectrum of idiopathic restrictive cardiomyopathy uncovered by next-generation sequencing // PLoS ONE. 2016. Vol. 11, N 9. P. 1–16.
- 5) Muchtar E., Blauwet L. A., Gertz M. A. Restrictive cardiomyopathy: Genetics, pathogenesis, clinical manifestations, diagnosis, and therapy // Circulation Research. 2017. Vol. 121, N 7. P. 819–837.