

Ассоциация генов полиморфизмов генов TLR2, TLR4 и TLR9 с тяжестью течения COVID-19**Научный руководитель – Шкурят Татьяна Павловна*****Аль-Джавади Али Мохаммед Абдуллах****Аспирант*

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

E-mail: ali.sindbadland@gmail.com

Коронавирусная инфекция (COVID-19) — острое вирусное заболевание с поражением всех жизненно важных органов, вызываемое РНК-геномным вирусом рода *Betacoronavirus* семейства *Coronaviridae* - SARS-CoV-2 [1]. 11 марта 2020 года Всемирной организацией здравоохранения (ВОЗ) была объявлена пандемия. На данный момент (2 марта 2022 г.) число заболевших новой коронавирусной инфекцией во всем мире превысило отметку 437 млн., а число погибших от нее составляет 5,960 млн смертей [3].

Иммунный ответ против SARS-CoV-2, как и против других вирусов, начинается с активации ряда рецепторов распознавания образов (PRRs) врожденного иммунитета, среди которых ключевую роль играют Toll-подобные рецепторы (TLRs). TLRs имеют важное значение в распознавании патоген-специфичных молекул, регуляции цитокиновой экспрессии, а также опосредованной активации адаптивного иммунитета [2].

Однако показано, что TLRs могут играть двойную роль при COVID-19. SARS-CoV-2 активируют врожденную иммунную систему через TLRs, что способствует элиминации вируса. Но также это может привести к системному гипервоспалению и разрушению тканей [2].

Целью данного исследования являлось изучение полиморфизмов Arg753Gln гена *TLR2*, Thr399Ile гена *TLR4* и T-1237C гена *TLR9* у пациентов с различной тяжестью течения COVID-19.

Материалы и методы. В исследование включены данные генотипирования ДНК 39 человек обоего пола с легким и 15 с тяжелым течением COVID-19 в возрасте 22-75 лет. Определение SNPs в полиморфных сайтах генов проводилось с помощью аллель-специфической ПЦР с электрофоретическим методом детекции (ООО «Литех»).

Результаты. Проведенное исследование позволило установить, что как в группе с легким течением, так и в группе с тяжелым течением заболевания преобладают доминантные гомозиготы по полиморфизмам всех исследованных генов: для *TLR9* T-1237C - 32 и 11 соответственно ($x^2=0.508$, $p=0,477$, OR=0,602; 95 % CI 0,147-2,456), для *TLR2* Arg753Gln - 36 и 13 ($x^2=0.41$, $p=0,522$, OR=0,542; 95 % CI 0,081-3,615), для *TLR 4* Thr399Ile 37 и 13 ($x^2=2.725$, $p=0,257$, OR=0,351; 95 % CI 0,045-2,755). Однако, различия оказались статистически не значимыми.

Выводы. Полученные данные указывают на необходимость проведения дальнейших исследований генетических маркеров COVID-19 с участием большего количества пациентов с различной степенью тяжести течения заболевания.

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

Источники и литература

- 1) Болевич С.Б., Болевич С.С. Комплексный механизм развития COVID-19 // Сеченовский вестник. 2020, Т.11, №2. С. 50-61.
- 2) Синякин И.А., Андриевская И.А., Ишутина Н.А., Баталова Т.А., Григорьев Н.Р. Роль Toll-подобных рецепторов в патогенезе COVID-19 // Бюллетень физиологии и патологии дыхания. 2021, № 82. С. 107-115.
- 3) covid19.who.int (WHO Coronavirus (COVID-19) Dashboard).