

# Промотерний алельний поліморфізм гену TNF- $\alpha$ (-308G/A) у осіб з ВІЛ/СНІДом

А. І. Піддубна, М. Д. Чемич

Кафедра інфекційних хвороб з епідеміологією, СумДУ

**Вступ.** З'ясування імуногенетичних особливостей схильності до інфекційних захворювань є нагальною проблемою сучасної медицини. На виключну актуальність дослідження ролі поліморфізму генів цитокінів вказує відсутність проведених досліджень на популяції українців.

**Мета роботи:** вивчити характер розподілу алельних варіантів промотерної ділянки гену TNF- $\alpha$  у позиції -308 у ВІЛ-інфікованих українців європеїдного походження.

**Матеріали і методи.** Матеріалом для дослідження поліморфізму гену TNF- $\alpha$  (-308G/A) стали зразки ДНК, отримані з лейкоцитів периферичної крові 200 мешканців Північно-Східного регіону України. Дослідну групу склали 78 ВІЛ-інфікованих (53 чоловіка і 25 жінок) віком ( $33,35 \pm 0,76$ ) року. Для оцінки можливості використання розподілу алельних варіантів генів цитокінів у якості прогностичних маркерів трансмісії збудника в дослідження було залучено 22 ВІЛ-негативні особи з групи високого ризику зараження, серед яких було 16 чоловіків та 4 жінки, віком ( $32,4 \pm 1,0$ ) року. Групу порівняння склали 100 здорових донорів крові, які за статтю та віком були зіставні з представниками дослідних груп.

Детекцію поліморфізму гену TNF- $\alpha$  проводили методом ПЛР з наступним аналізом довжини рестрикційних фрагментів на базі лабораторії молекулярно-генетичних досліджень Сумського державного університету.

Для порівняння частот алелей між різними дослідними групами використовували критерій  $\chi^2$ , а при необхідності, коли кількість спостережень була меншою за 5, точний тест Фішера.

**Результати.** Вперше досліджено поліморфізм гену TNF- $\alpha$  (-308G/A) на популяції ВІЛ-інфікованих українців. При аналізі частот алельних варіантів гену цитокіну визначено, що домінуючим варіантом були гомозиготи за основним алелем (генотип G/G), який зустрічався у 62,8 % (49 осіб) ВІЛ-інфікованих, у 74,0 % (74) осіб групи порівняння та 77,7 % (17) ВІЛ-негативних представників з групи високого ризику зараження.

Зафіксована підвищена частота гетерозигот за основним алелем серед осіб з ВІЛ. Так, частота G/A генотипу в групі ВІЛ-інфікованих пацієнтів перевищила відповідні показники групи високого ризику зараження і групи порівняння у 2 і 1,5 разу відповідно ( $p < 0,05$ ), що вказує на тенденцію до асоціації вказаного варіанту з інфікуванням.

Серед ВІЛ-інфікованих не виявлено жодного носія мінорного алелю A/A. Проте, у групі порівняння та серед осіб з високим ризиком зараження ВІЛ також зафіксовано мінімальний вміст вказаного генотипу (1,0 % і 4,6 % відповідно).

**Висновки.** Розподіл алельних варіантів промотерного регіону гену TNF- $\alpha$  у позиції -308 серед українців характеризується домінуванням гомозигот за

основним алелем, що співпадає з даними у інших європеїдних популяціях. Відмічено певні відмінності у частоті генотипів серед ВІЛ-інфікованих осіб, які обумовлені підвищеним вмістом гетерозиготного G/A варіанту і відсутністю A/A варіанту гену.

Піддубна, А.І. Промотерний алельний поліморфізм гену TNF- $\alpha$  (-308G/A) у осіб з ВІЛ/СНІДом [Текст] / А.І. Піддубна, М.Д. Чемич // Фармакотерапія і профілактика інфекційних та паразитарних хвороб: матеріали Всеукраїнської науково-практичної інтернет-конференції інфекціоністів. – 2014 – С. 159-161.