

ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНОВ ТОЛЛ-ПОДОБНЫХ РЕЦЕПТОРОВ ПРИ ИНФЕКЦИОННЫХ ЗАБОЛЕВАНИЯХ

Белозёрова В.А.¹, Криволуцкая Т.А.^{1,2}

¹Камчатский государственный университет, Петропавловск-Камчатский, Россия;

²Филиал № 2 1477 Военно-морского клинического госпиталя, Петропавловск-Камчатский, Россия, tat.beloz@yandex.ru

У некоторых людей чаще возникает заболевание и/или его тяжёлое, осложнённое течение в то время, как у других респондентов патология не развивается и/или протекает в бессимптомной, субклинической форме, что объяснимо генетическими особенностями иммунной системы индивидуума. В молекулярной медицине важна роль иммунологических исследований и изучения восприимчивости к возбудителям инфекционных заболеваний, защита организма человека от которых осуществляется посредством взаимодействия компонентов иммунной системы макроорганизма. Известно, что чужеродные агенты идентифицируются паттерн-распознающими рецепторами - *PAMP*, наиболее функциональными представителями, которых являются Толл-like рецепторы (*TLR*) [1, 2]. Определение генетических вариантов *TLR*, как протекторов развития заболевания обуславливает актуальность изучения прогнозирования рисков возникновения инфекционной патологии [1, 2]. Современными исследователями изучена роль *TLR* в восприимчивости к возбудителям COVID-19, инфекционного мононуклеоза и др. [1, 2]. Также определено, что генотипы - A/G и G/G *TLR9* (A2848G) предрасполагают к ветряной оспе у взрослых, тогда как генотипы - A/A *TLR9* (A2848G) снижает вероятность заболевания [3]. Для упрощения использования на основании результатов исследования, разработана и зарегистрирована программа прогнозирования возникновения ветряной оспы, в которой в режиме работы пользовательского окна вводят все необходимые для расчета данные: генотипы полиморфизмов - *TLR9* (2848G); *IL-10* (G1082A) и *IL-10* (C819T). Результатом расчета является определение риска ветряной оспы при контакте с *Varicella zoster virus* у взрослых.

Вывод: Учитывая актуальность и перспективы изучения роли полиморфизма *TLR* в восприимчивости к возбудителям, целесообразно продолжение исследований.

Источник финансирования. Авторы заявляют об отсутствии внешнего финансирования при написании научной работы.

Литературные источники:

1. Taha S.I., et al., 2021, DOI: 10.2147/JIR.S343246.
2. Jablonska A., et al., 2020, DOI: 10.1038/s41598-020-70129-4.
3. Криволуцкая Т.А., и др. DOI: 10.34215/1609-1175-2023-2-48-53.

POLYMORPHISM OF TOLL-LIKE RECEPTOR GENES IN INFECTIOUS DISEASES

Belozerova Victoria A.¹, Krivolutskaya Tatyana A.^{1,2}

¹Kamchatka State University, Petropavlovsk-Kamchatsky, Russia;

²FILE No. 2 of the 1477 Naval Clinical Hospital, Petropavlovsk-Kamchatsky, Russia
tat.beloz@yandex.ru

Some people are more likely to develop the disease and/or its severe, complicated course, while other respondents do not develop the pathology and/or proceed in an asymptomatic, subclinical form, which is explained by the genetic characteristics of the individual's immune system. In molecular medicine, the role of immunological research and the study of susceptibility to pathogens of infectious diseases is important, the protection of the human body from which is carried out through the interaction of components of the immune system of the macroorganism. It is known that foreign agents are identified by pattern-recognizing receptors - PAMP, the most functional representatives of which are Toll-like receptors (TLRs) [1, 2]. The determination of TLR genetic variants as protectors of disease development determines the relevance of studying the prediction of risks of infectious pathology [1, 2]. The determination of TLR genetic variants as protectors of the disease development determines the relevance of studying the prediction of the risks of infectious pathology [1, 2]. Modern researchers have studied the role of TLR in susceptibility to the pathogens of COVID-19, infectious mononucleosis, etc. [1, 2]. It has also been determined that the genotypes - A/G and G/G TLR9 (A2848G) predispose to chickenpox in adults, whereas the A/A TLR9 (A2848G) genotypes reduce the likelihood of the disease [3]. To simplify use based on the results of the study, a program for predicting the occurrence of chickenpox has been developed and registered, in which all the necessary data is entered in the user window mode: polymorphism genotypes TLR9 (2848G); IL-10 (G1082A) and IL-10 (C819T). The result of the calculation is the determination of the risk of chickenpox in contact with Varicella zoster virus in adults.

Conclusion: Considering the relevance and prospects of studying the role of TLR polymorphism in susceptibility to pathogens, it is advisable to continue research.

The source of financing. The authors claim that there is no external funding when writing a scientific paper.

References:

1. Taha S.I., et al., 2021, DOI: 10.2147/JIR.S343246.
2. Jablonska A., et al., 2020, DOI: 10.1038/s41598-020-70129-4
3. Krivolutskaya T.A., et al. DOI: 10.34215/1609-1175-2023-2-48-53.