

МЕТОД ПРОГНОЗИРОВАНИЯ ТЯЖЕЛОГО ТЕЧЕНИЯ СЕПСИСА ПОСРЕДСТВОМ ГЕНОТИПИРОВАНИЯ

Мательский Н.А.¹, Горбич Ю.Л.², Горбич О.А.³, Солнцева А.В.¹, Полякова Е.А.¹.

¹Государственное учреждение «Республиканский научно-практический центр детской онкологии, гематологии и иммунологии», РБ;

² Комитет по здравоохранению Мингорисполкома, РБ;

³ Учреждение здравоохранения «3-я городская клиническая больница им. Е.В. Клунова», РБ



Актуальность

В эпоху развития технологий секвенирования актуальным является поиск полиморфизмов, изменения экспрессии генов врожденного иммунитета, ассоциированных с развитием и тяжестью сепсиса, а также влиянием на исход. Хемоаттрактантный белок моноцитов-1 (*MCP1*), также называемый хемокиновым лигандом 2 (*CCL2*), принадлежит к обширному семейству хемокинов и служит важнейшим медиатором врожденного иммунитета и тканевого воспаления. *MCP1* привлекает моноциты и Т-лимфоциты к месту инфекции, что является важным для формирования воспалительного ответа. Однако полиморфизмы гена, при которых изменяется экспрессия белка могут привести к гиперактивации иммунной системы, что может способствовать развитию системного воспалительного ответа и тяжелого течения сепсиса. Таким образом, полиморфизмы гена *MCP1* могут играть важную роль в патогенезе сепсиса.

Результаты

При наличии гомо-/гетерозиготного полиморфизма наблюдается увеличение вероятности развития септического шока ($\chi^2=4,9$, $p<0,05$), OR 0,47 (0,24-0,92); RR 0,68 (0,47-0,98)) (Рис. 1,2).

У пациентов, у которых был выявлен полиморфизм rs1024611, вероятность развития сепсис-ассоциированного острого почечного повреждения с потребностью в проведении почечно-заместительной терапии (ПЗТ) была выше ($\chi^2=13,0$, $p<0,005$), OR 3,9 (1,8-8,4); RR 2,7 (1,5-4,8)) в сравнении с пациентами без ПЗТ (Рис. 1,2).

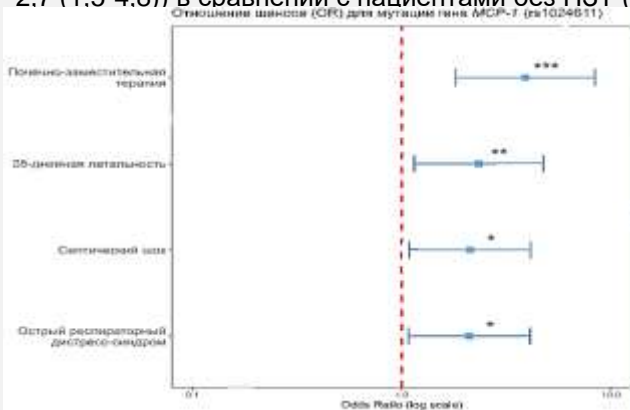


Рис.1 Отношение шансов с двусторонним 95% доверительным интервалом

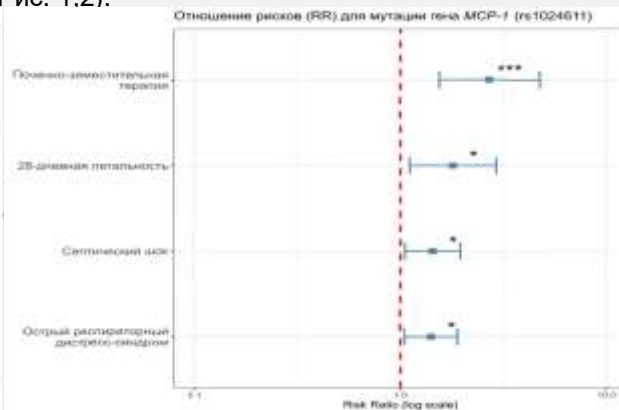


Рис.2 Отношение рисков с двусторонним 95% доверительным интервалом

Цели и задачи

Установить значимость определения полиморфизма rs1024611 в промоторном регионе гена *MCP1* у пациентов онкогематологического профиля с тяжелым течением сепсиса.

Материалы и методы

Были исследованы образцы ДНК (n=155) онкогематологических пациентов отделения анестезиологии и реанимации с тяжелым течением сепсиса, проходивших лечение в ГУ «РНПЦ ДОГИИ». Выявление наличия/отсутствия полиморфизма rs1024611 промоторного региона гена *MCP1* было выполнено посредством капиллярного секвенирования по Сэнгеру.

Выводы

Результаты проведенного исследования демонстрируют, что полиморфизм rs1024611 промоторного региона гена *MCP1* значимо ассоциирован с повышенным риском развития тяжелого течения сепсиса, включая септический шок, сепсис-ассоциированное острое почечное повреждение, тяжелый ОРДС, а также неблагоприятного исхода. Эти данные подчеркивают важность генетического тестирования для оценки риска и прогнозирования течения исхода у пациентов с сепсисом.

При наличии полиморфизма rs1024611 также повышается вероятность развития тяжелого острого респираторного дистресс-синдрома (ОРДС) ($\chi^2=4,8$, $p<0,05$), OR 2,1 (1,1-4,1), RR 1,4 (1,05-1,9)) (Рис. 1,2). Кроме того, при наличии гомо-/гетерозиготного полиморфизма rs1024611 повышается вероятность неблагоприятного исхода в виде 28-дневной летальности ($\chi^2=5,6$, $p<0,01$), OR 2,33 (1,15-4,76); RR 1,8 (1,1-2,92)) (Рис. 1,2).

Полякова Екатерина
polyakovakat86@gmail.com

