

**Исследование роли полиморфных вариантов сайтов связывания микроРНК в генах (VDR, HLA-G) в развитии аллергических заболеваний**

Власова А.О.<sup>1</sup>, Савельева О.Н.<sup>2</sup>

1 - Институт биохимии и генетики Уфимского научного центра РАН, Уфа, Россия, E-mail: [angvlon@mail.ru](mailto:angvlon@mail.ru); 2 - Институт биохимии и генетики Уфимского научного центра РАН, Уфа, Россия, E-mail: [olyasavelie@yandex.ru](mailto:olyasavelie@yandex.ru)

**Введение.** Аллергические заболевания (АЗ) представляют собой распространенную группу патологий, включающих в себя бронхиальную астму (БА), атопический дерматит, аллергический ринит (АР) и др. Современные генетические исследования АЗ все чаще направлены на изучение эпигенетических механизмов, таких как дифференциальная активность микроРНК, позволяющих более подробно объяснить значительный вклад наследственности в формирование и течение АЗ. Согласно базе данных miRNASNPv3, в 3'-нетранслируемой области генов *VDR* и *HLA-G* локализованы полиморфные варианты сайтов связывания микроРНК, функциональная активность которых связана с риском развития АЗ (<http://bioinfo.life.hust.edu.cn/miRNASNP/#!/>). Ген *VDR* продуцирует белок, который относится к семейству ядерных рецепторов, активирует гены, вовлеченные в метаболизм кальция и развитие аллергического воспаления [1]. Продукт гена *HLA-G* играет важную роль в формировании иммунного ответа, выявлена высокая экспрессия данного гена в клетках бронхов пациентов с БА [2].

**Целью** данной работы являлся анализ ассоциации полиморфных вариантов сайтов связывания микроРНК в генах *VDR* и *HLA-G* с развитием аллергических заболеваний.

**Материалы и методы.** В группу исследования были включены образцы ДНК 550 больных АЗ различной этнической принадлежности (русские - 163, татары - 143, башкиры - 50, метисы - 194) и 287 практически здоровых индивидов (русские - 75, татары - 83, башкиры - 36, метисы - 93) без бронхолегочных, аллергических и аутоиммунных заболеваний в возрасте 1-18 лет, проживающих на территории Республики Башкортостан. Генотипирование полиморфных локусов выполнено методом ПЦР в реальном времени.

**Результаты.** Статистически значимые различия в распределении частот аллелей и генотипов полиморфного варианта rs1063320 гена *HLA-G* между группой больных АЗ и группой контроля обнаружены у индивидов русской этнической принадлежности. Выявлены ассоциации генотипа rs1063320\*CC гена *HLA-G* с развитием АР (p=0,02; OR=1,91), с сочетанным проявлением АР и БА (p=0,01; OR=2,14), и с БА (p=0,03; OR=1,9). Генотип rs1063320\*GC также ассоциирован с риском развития БА (p=0,01; OR=2,14) и сочетанными проявлениями АР и БА (p=0,009; OR=0,43). Установлены ассоциации генотипов rs739837\*GT и rs739837\*TT гена *VDR* с высоким уровнем общего IgE у больных АР (p=0,01; OR=1,65 и p=0,02; OR=0,55 соответственно), БА (p=0,03; OR=1,53 и p=0,03; OR=0,59 соответственно) и пациентов с сочетанными проявлениями АР и БА (p=0,01; OR=1,67 и p=0,046; OR=0,59 соответственно).

**Заключение.** Таким образом, полиморфные варианты генов *VDR* (rs739837) и *HLA-G* (rs1063320) вносят определенный вклад в формирование алергопатологий. Работа выполнена в рамках государственного задания Минобрнауки РФ (№ 122041400169-2). В качестве материала исследования использованы образцы ДНК из «Коллекции биологических материалов человека» ИБГ УФИЦ РАН.

**Источники и литература**

- 1) Aryan Z., Rezaei N., Camargo CA Jr. Vitamin D status, aeroallergen sensitization, and allergic rhinitis: A systematic review and meta-analysis // *Int Rev Immunol.* 2017. С. 41-53.
- 2) Negrini S., Contini P., Murdaca G., Puppo F. HLA-G in Allergy: Does It Play an Immunoregulatory Role? // *Front Immunol.* 2022.