

**Создание линейной модели расчёта биологического возраста жителей  
Нижнего Новгорода по степени метилирования возраст-ассоциированных  
CpG-динуклеотидов**

**Научный руководитель – Ведунова Мария Валерьевна**

***Будруев Иван Андреевич***

*Студент (бакалавр)*

Нижегородский государственный университет им. Н.И. Лобачевского, Nizhny Novgorod,  
Россия

*E-mail: ivan.budruev@gmail.com*

***И.А. Будруев, Е. А. Давыдова, Т. В. Тулунова, А. Д. Перенков, И. И. Юсупов,***

***М. В. Ведунова***

Университет Лобачевского, 603022, Нижний Новгород, просп. Гагарина, 23;

*E-mail: ivan.budruev@gmail.com*

В настоящее время наиболее перспективным методом оценки биологического возраста считаются эпигенетические часы. Такие часы основаны на определении степени метилирования набора CpG-динуклеотидов, профиль метилирования которых зависит от возраста. Сейчас основное внимание уделяется созданию часов с меньшим количеством CpG-сайтов, что позволяет проводить эпигенетическое профилирование возраста значительно дешевле. Сокращение числа CpG также повышает точность [1].

Целью данной работы явилось построение мульти регрессионной линейной модели описывающей зависимость возраст-ассоциированных CpG-динуклеотидов у жителей Нижнего Новгорода для расчета биологического возраста.

Определение степени метилирования CpG-динуклеотидов проводили в группах жителей Нижнего Новгорода (n=50), в которые вошли условно здоровые добровольцы в возрасте от 20 до 88 лет. Материалом для исследования явились образцы цельной венозной крови.

Оценку метилирования провели при помощи метода MALDI-TOF масс-спектрометрии с использованием системы MassARRAY (iPLEX assay, Agena Bioscience, США). Для построения модели были отобраны 5 CpG, степень метилирования которых имела наибольший коэффициент корреляции с хронологическим возрастом добровольцев. Построение модели выполнено при помощи программного обеспечения IBM SPSS Statistics (IBM, США).

В ходе работы построена мульти регрессионная линейная модель,  $R^2$  которой составил 0,811 при  $p < 0,05$ . Ниже представлены значения коэффициентов с указанием стандартной ошибки и критериев значимости (рис. 1).

### **Источники и литература**

- 1) Macdonald-Dunlop E. et al. A catalogue of omics biological ageing clocks reveals substantial commonality and associations with disease risk // Aging (Albany NY). – 2022. – Т. 14. – №. 2. – С. 623.

### **Иллюстрации**

	В	Стандартная ошибка	Бета	Значимость
(Константа)	31,775	20,769		,134
cg00481951	,553	,230	,227	,021
cg07553761	,566	,204	,252	,008
cg06639320	,328	,111	,274	,005
cg23500537	,262	,119	,167	,033
cg11649376	-,738	,233	-,309	,003

Рис. : Рис. 1. Значения коэффициентов модели расчёта биологического возраста