

СОВРЕМЕННЫЕ ДИАГНОСТИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ ХРОНИЧЕСКИХ ЗАБОЛЕВАНИЙ НИЖНИХ ДЫХАТЕЛЬНЫХ ПУТЕЙ У ДЕТЕЙ

Каримова Н.И., Шамсиев Ф.М.

Республиканский специализированный научно-практический медицинский центр педиатрии Минздрава Республики Узбекистан, Ташкент, Республика Узбекистан

Ключевые слова: бронхиальная астма; хронический бронхит; молекулярно-генетическое исследование; дети

Актуальность. Проблема бронхолегочной патологии остаётся актуальной как во всём мире, так и в нашей стране. Механизмы формирования и течения хронического бронхита (ХБ) и бронхиальной астмы (БА) остаются не до конца изученными, не проводилась оценка комплексного молекулярно-генетического анализа состояния дыхательной системы детей и остаётся актуальной разработка программы их персонализированной тактики введения.

Цель работы: определить молекулярно-генетические аспекты полиморфизмов генов *CC16* (*A38G*) и *IL-4* (*C-590T*) в развитии и течении хронических заболеваний нижних дыхательных путей у детей.

Материалы и методы. У 209 детей 5–15 лет (56 детей — с БА, 85 детей — с ХБ, 68 детей — с острым обструктивным бронхитом) было проведено молекулярно-генетическое исследование частоты распределения аллелей и генотипов локусов генов *CC16* (*A38G*), *IL-4* (*C-590T*).

Результаты. При анализе локуса *C-590T* (*IL-4*) у детей с БА установлено, что частота аллелей *A* является доминирующей и встречается значительно чаще по сравнению с аллелью *G* (60,7 и 39,2%), у детей с ХБ — 64,5 и 35,4%. У больных с острым обструктивным бронхитом носительство аллеля *G* обнаружено с более высокой частотой по сравнению с группой контроля (40,9 и 23,6%). Сравнительный анализ распределения аллелей и генотипов *CC16* (*A38G*) у детей с БА и ХБ показал, что частота встречаемости аллеля *A* достоверно ниже у здоровых детей (22,2%), чем у больных БА (60,7%); частота аллеля *G* отмечается чаще у здоровых детей, чем при БА и ХБ (77,8% против 36,3% и 39,0%; $RR = 1,3$; $OR = 2,1$); обнаружена высокая частота генотипа *A/A* и *A/G* по сравнению с группой контроля (54,8 и 26,7%; $\chi^2 = 5,03$; $RR = 1,6$; $OR = 2,4$); у носителей генотипа *G/G* отмечается обратная тенденция. Различия в частоте полиморфизмов гена *IL-4* (*C-590T*) показали, что генотип *A/A* достоверно чаще отмечался у детей с БА и ХБ по сравнению с группой контроля (33,3 и 21,6% против 6,6%; $\chi^2 = 0,7$; $RR = 1,8$; $OR = 1,9$).

Заключение. Определена предикторная роль полиморфного локуса *C-590T* генотипа *A/G* гена *IL-4*, который явился генетическим маркёром БА, и *A38G* генотипа *A/A* гена *CC16* — генетического маркёра ХБ. Дети с БА и ХБ с носительством генотипа *G/G* ассоциированы с высокой частотой рецидивов бронхиальной обструкции и входят в группу риска формирования хронической патологии. Дети с носительством мутационного генотипа *G/G* с гетерозиготным генотипом *A/G* гена *IL-4* (*C-590T*) входят в группу риска с тяжёлым течением бронхиальной обструкции у детей, что приводит к развитию тяжёлой формы БА.

* * *