

Требования к оформлению стендового (постерного) доклада

Стендовый (постерный) доклад в распечатанном виде должен иметь формат А1 (594 × 841 мм), вертикальное расположение

Примерная структура стендового (постерного) доклада

- 1. Название исследования, авторы, контакты**
- 2. Аннотация**

Характеристика основной темы, проблемы исследования, цели работы и ее результаты. В аннотации указывают, что нового несет в себе данный документ в сравнении с другими, родственными по тематике и целевому назначению.
- 3. Введение**

Описание проблемы, с которой связано исследование или установление научного контекста. Данные литературы, связанной с исследованием. Описание белых пятен в проблеме или того, что еще не сделано. Формулировка цели исследования. Оценка важности исследования.
- 4. Материалы и методы исследования**
- 5. Результаты и обсуждение**

Результаты даются в обработанном варианте: в виде таблиц, графиков, организационных или структурных диаграмм, уравнений, фотографий, рисунков. Обсуждение – это идеи, предположения о полученных фактах, сравнение полученных собственных результатов с результатами других авторов.
- 6. Заключение**

В заключении можно обобщить результаты; предложить практическое применение; предложить направление для будущих исследований.
- 7. Литература** (при необходимости)



РАЗРАБОТКА ОРИГИНАЛЬНЫХ МЕТОДОВ ГЕПОТИПИРОВАНИЯ АЛЛЕЛЕЙ ГЕНА HLA-DRB1 И ИНФОРМАТИВНЫХ ГЕПЕТИЧЕСКИХ ПОЛИМОРФИЗМОВ ПРИ РА: ПРИКЛАДНОЙ АСПЕКТ ФУНДАМЕНТАЛЬНЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ.

Гусева И.А.1, Сорока Н.Е.2, Демидова Н.В.1, Лучихина Е.Л.1, Александрова Е.Н.1, Новиков А.А.1, Самаркина Е.Ю.1, Панасюк Е.Ю.1, Авдеева Е.А.1, Федоренко Е.В.1, Аронова Е.С.1, Лукина Г.В.1, Болдырева М.Н.3, Трофимов Д.Ю.2, Каратеев Д.Е.1, Насонов Е.Л.1.

1 - ФГБУ «НИИР им.В.А.Насоновой», 2 - ЗАО «НПФ ДНК-Технология»,
3 - ФГБУ ГНЦ «Институт иммунологии» ФМБА России

ВВЕДЕНИЕ/ЦЕЛЬ

К настоящему времени идентифицировано значительное число генов, вовлеченных в предрасположенность к развитию РА и формирование определенных клинических субтипов заболевания (рис.1). Также генетические маркеры могут служить предикторами эффективности и/или безопасности базисных противовоспалительных и генно-инженерных биологических препаратов. Таким образом, к настоящему времени назрела необходимость оптимизации имеющихся методов ПЦР-генотипирования для использования их как в научных исследованиях, так и в «рутинной» лабораторной практике.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

В исследование включено 336 пациентов с РА (начало болезни - 48,3±13,2 лет, длительность 6,7±5,1 лет), из них 123 пациента с длительностью симптомов до включения в исследование менее 2 лет (ранний РА, рРА), проспективно обследованных в течение 4 лет. Контрольную группу составили 303 здоровых донора крови.

Используя методический подход «функциональный ген-кандидат» олиготипировали следующие полиморфизмы:

Полиморфизмы генов провоспалительных и противовоспалительных цитокинов, их рецепторов и хемокинов.

TNF-A (-308 G/A)
IL-6 (-174G/C)
IL-6R (+368A/C)
IL-10 (-592A/C, -819T/C, -1082 A/G)
IL-1B (+3963C/T)
MCP-1 (+2581 A/G)

Полиморфизмы гена *MTHFR* (фолатный обмен)

MTHFR (+677C/T), (+2581A/G)

Гены из GWAS

HLA-DRB1 (аллели)
PTPN22 (+1656 A/C)
TNFAIP3 (rs675520, rs6520220, rs1049919)
CTLA4 (+49 A/G)

РЕЗУЛЬТАТЫ

Полимеразная реакция в режиме реального времени (ПЦР-РВ) в различных модификациях с использованием оригинальных сионкс-специфических праймеров и проб, меченных различными флуоресцентными метками (НПФ «ДНК-Технология»), автоматическая регистрация и интерпретация полученных результатов проводилась на отечественном инновационном детектирующем амплификаторе ДТ-96 (ООО «ДНК-Технология») (см.схему). При проверке работоспособности созданных тест-систем в качестве референсного метода определения генотипа образцов использовали автоматическое сканирование ДНК по Сэнгстру с применением автоматического сканера ABI PRISM® 310 Genetic Analyzer (Applied Biosystems, США). Кроме того была разработана и в настоящее время валидируется отечественная тест-система ПЦР-РВ для идентификации аллелей гена *HLA-DRB1* *0101/*0102, *0103, *03, *0401, *0402, *0404/*0405/*0408, *0403/*0407/*0411, *07, *08, *0901, *1001, *1101/*1104, *1102/*1103, *12, *15, *16, *1301/*1302/*1304*1323, *1303, *1305*1306*1325, *1401/*1404, *1402, пригодная для «рутинного» использования. Время от момента выделения ДНК и получения конечного результата генотипирования составляет 2,5-3 часа.

Выводы / ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В результате проведенного исследования выявлен ряд полиморфизмов изученных генов, ассоциированных с предрасположенностью к развитию РА, клинико-лабораторными параметрами и эффективностью терапии ГИБП, которые могут быть использованы в практической медицине. Сравнение различных методов генотипирования аллелей гена *HLA-DRB1* и однонуклеотидных полиморфизмов позволило выбрать отечественные тест-системы и оборудование для использования в «рутинной» лабораторной практике в качестве оптимальных (в совокупности качество, стоимость, трудозатраты, минимальный риск контаминации).

Рис. 1 Гены, ассоциированные с РА (GWAS)

заимствовано из McAlister KM, 2011

