

DOI: <http://doi.org/10.30978/UJPE2025-1-69>

Молекулярні механізми росту та розвитку дитини: епігенетичний підхід

А.-М.А. Шульгай^{1, 2}, О.М. Шульгай¹¹Тернопільський національний медичний університет імені І.Я. Горбачевського МОЗ України²Університет Парми, Парма, Італія

Molecular mechanisms of child growth and development: an epigenetic approach

A.-M.A. Shulhai^{1, 2}, O.M. Shulhai¹¹I. Horbachevsky Ternopil National Medical University, Ternopil, Ukraine²Department of Medicine and Surgery, Parma, Italy

У сучасних наукових дослідженнях звертають дедалі більше уваги на роль епігенетичних механізмів у регуляції росту та розвитку людини. Епігенетика — це галузь біології, що вивчає зміни у функціонуванні генів, які не пов'язані зі змінами в послідовності ДНК, але можуть передаватися з покоління в покоління. До основних епігенетичних механізмів відносять метилювання ДНК, модифікацію гістонів та ДНК, що не кодують. Метилювання ДНК — це додавання метильних груп до цитозину в CpG-острівцях, що зазвичай пригнічує транскрипцію генів. Модифікація гістонів полягає в змінах в білках, навколо яких обертається ДНК, що впливають на щільність упаковки хроматину й доступність генів до експресії. РНК, що не кодують (мікроРНК), можуть регулювати транскрипцію, деградацію мРНК або гальмувати трансляцію. Ці зміни відіграють ключову роль у розвитку дитини і можуть спричинити порушення росту та розвитку навіть за відсутності генетичних мутацій.

Традиційно вивчення причин змін росту та розвитку дитини зосереджувалося на генетичних мутаціях, гормональних порушеннях і хронічних хворобах. Проте в багатьох випадках навіть за відсутності патологій у дітей виявляють затримку росту або статевого дозрівання, ожиріння, кардіоваскулярні захворювання, передчасне статеве дозрівання тощо. Це свідчить про наявність складніших механізмів регуляції, які можуть змінювати функцію генів без їхньої мутації. Останніми роками виявлено, що саме епігенетика відіграє роль у розвитку змін та патогенезу зазначених захворювань.

Мета роботи — узагальнити сучасні дані та виявити ключові механізми епігенетики, які можуть впливати на зміни росту й розвитку дитини.

Матеріали та методи. Проведено аналіз сучасної наукової літератури із баз даних PubMed, Scopus і Web of Science, зокрема рецензованих статей, систематичних оглядів та клінічних настанов, які висвітлюють роль епігенетичних змін у порушеннях росту та розвитку дітей.

Результати. Пренатальний та ранній постнатальний період є критичними з погляду епігенетичного програмування. На цьому етапі організм особливо чутливий до впливу довкілля — харчування матері, стресу, впливу ендокринно-руйнівних хімічних речовин, лікарських препаратів тощо. Ці чинники можуть спричинити епігенетичні зміни, що впливають на експресію генів, пов'язаних із ростом і розвитком дитини. За даними літератури, епігенетичні механізми мають значний вплив на зріст, пубертат, метаболізм та нейророзвиток. Хроматинні модифікації таких генів, як *KISS1*, демонструють динамічні зміни в модифікаціях гістонів у міру наближення пубертату, що впливає на активацію або пригнічення експресії генів, що є критично важливим для статевого дозрівання. МікроРНК регулює експресію генів, а метилювання ДНК впливає на активацію або пригнічення транскрипції генів, залучених у регуляцію часу настання пубертату. Крім того, дослідження на тваринних моделях надали уявлення про роль метилювання ДНК і мікроРНК у сексуальній диференціації мозку, що свідчить про активну участь епігенетичних механізмів у формуванні статевих відмінностей мозкових структур. Окрім того, підвищене метилювання може змінювати експресію гормона росту, інсуліноподібного фактора росту-1 (*IGF-1*) та інсуліноподібний білок, що зв'язує фактор росту-1 (*IGFBP1*), це в подальшому може вплинути на ріст дитини. Також було виявлено, що ДНК-метилювання через метил-CpG-зв'язуючий білок 2 (*MeCP2*) пригнічує транскрипційну експресію нейротрофічного фактора мозку (*BDNF*) через зв'язування з метильними острівцями CpG ДНК, яке впливає на формування нейронів дитини та пов'язане з різноманітними порушеннями нервового розвитку, наприклад як синдром Ретта.

Висновки. Таким чином, епігенетика відкриває нові можливості в діагностиці, прогнозуванні та потенційному лікуванні порушень росту й розвитку дітей. Виявлення епігенетичних змін у генах, що регулюють зазначені процеси, сприяє глибшому розумінню складної взаємодії між генетичними чинниками, впливами довкілля та клінічним фенотипом. Дослідження таких механізмів є перспективним напрямом, який дає змогу провести раннє втручання та запобігти розвитку захворювань.