
МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ МАРКЕРЫ ЦИТОКИНОВ: ПОПУЛЯЦИОННАЯ РАСПРОСТРАНЕННОСТЬ И СВЯЗЬ С МУЛЬТИФАКТОРИАЛЬНОЙ ПАТОЛОГИЕЙ*

Е.В. Калмыкова, Т.С. Тикунова, И.А. Юшина,
С.С. Демин, С.С. Сиротина, Е.Н. Крикун,
М.И. Чурносков

Кафедра медико-биологических дисциплин БелГУ
ул. Победы, 85, Белгород, Россия, 308015
тел. +79114636467, эл. почта: somvoz@live.ru

Статья посвящена анализу распределения частот аллелей и генотипов молекулярно-генетических маркеров цитокинов у больных с МФЗ. Анализ ДНК-маркеров осуществлялся с помощью стандартных молекулярных и популяционно-генетических методов. Установлено, что наиболее распространенными генотипами как у больных с МФЗ, так и в контроле являются -308GG TNF α и -471CC RANTES.

Ключевые слова: мультифакториальная патология, гены цитокинов.

Важность проблемы изучения генетических механизмов предрасположения к мультифакториальным заболеваниям (МФЗ) определяется огромным значением этой группы заболеваний для современной медицины [1]. Современное развитие молекулярной генетики предоставляет возможность выделения индивидуальных генов, химического анализа нуклеотидных последовательностей ДНК, функционального исследования экспрессии генов и молекулярных механизмов ее регуляции [2].

Целью настоящего исследования явился анализ распределения частот аллелей и генотипов молекулярно-генетических маркеров цитокинов у больных с МФЗ.

Материалы и методы. Исследование проводилось на материале 4 выборок: 245 больных с желчнокаменной болезнью (ЖКБ), 210 пациентов с хроническим гломерулонефритом (ХГН), 50 больных с лимфолейкозом и 168 человек популяционного контроля. Анализ ДНК-маркеров -308G/A TNF α , С-471T RANTES осуществлялся методом полимеразной цепной реакции синтеза ДНК. Были использованы стандартные популяционно-генетические методы. Для оценки соответствия наблюдаемого распределения генотипов ожидаемому, исходя из равновесия Харди—Вайнберга, использован критерий χ^2 , наблюдаемая гетерозиготность, ожидаемая гетерозиготность, индекс фиксации Райта.

Исследование частот генотипов изучаемых полиморфных маркеров генов показало, что для всех рассмотренных маркеров в выборках больных и контрольной группе эмпирическое распределение генотипов соответствует теоретически ожидаемому при равновесии Харди—Вайнберга ($p > 0,05$).

* Работа выполнена в рамках реализации ФЦП «Научные и научно-педагогические кадры инновационной России» на 2009—2013 годы.

Установлено, что частота аллеля -308G TNF α составила 83,6% у больных с ХГН, 83,3% — у пациентов с ЖКБ, 84,1% — у больных с лимфолейкозом и 88,3% — в контрольной группе. Наиболее распространенным генотипом оказался -308GG TNF α , составивший 73,0% у больных с ХГН, 70,9% — у больных с ЖКБ, 72,4% — у пациентов с лимфолейкозом и 78,6% — в контроле. Во всех изученных группах наблюдались максимальные частоты генотипа -471CC RANTES (67,7% — ХГН, 65,4% — ЖКБ, 67,4% — лимфолейкоз и 71,8% в контроле).

При сравнительном анализе распределения частот аллелей и генотипов полиморфных маркеров генов цитокинов в контрольной группе и среди больных с МФЗ статистически достоверных различий выявлено не было. Это согласуется с функциональным значением этих генов, которые не являются этиологическими факторами возникновения МФЗ, но играют определенную роль в их патогенезе.

ЛИТЕРАТУРА

- [1] *Гинтер Е.К.* Эволюция представлений о генетической природе мультифакториальных заболеваний // *Мед. генетика*. — 2003. — Т. 2. — № 4. — С. 146—156.
- [2] *Пузырев В.П., Назаренко С.А., Одиноква О.Н., Степанов В.А.* Геномная медицина: подходы и достижения // *Бюллетень СО РАМН*. — 2000. — № 2. — С. 107—112.

MOLEKULAR-GENETIC MARKERS CITOKINES: POPULATION PREVALENCE AND COMMUNICATION WITH THE MULTIFACTORIAL PATHOLOGY

**E.V. Kalmykova, T.S. Tikunova, I.A. Yushina,
S.S. Dyomin, S.S. Sirotina, E.N. Krikun,
M.I. Churnosov**

Chair of medical and biologic disciplines of BelSU
Pobeda str., 85, Belgorod, Russia, 308015
tel. +79114636467, email: somvoz@live.ru

Research objective: the analysis of distribution of frequencies alleles and genotypes of molekular-genetic markers citokines at patients with multifactorial pathology. The analysis of DNA-markers was carried out by means of standard molecular and population-genetic methods. It is established that the most widespread genotypes both at patients with multifactorial pathology, and in the control are-308GG TNF α and-471CC RANTES.

Key words: multifactorial pathology, citokines genes.