



ИЗУЧИТЬ ЧАСТОТЫ РАСПРЕДЕЛЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКОГО МАРКЕРА С677Т В ГЕНЕ МТНFR У БОЛЬНЫХ С ИНФАРКТОМ МИОКАРДА

Мусашайхов У.Х., Набиева Д.А., Мусашайхова Ш.М., Бобоев К.Т.

Андижанский государственный медицинский институт

Андижан, Узбекистан

Ташкентская медицинская академия,

Республиканский специализированный научно - практический медицинский центр гематологии МЗ РУз

Ташкент, Узбекистан

Цель Изучить ассоциативную связь носительства полиморфизма С677Т в гене МТНFR в развитии ИМ.

Материал и методы. В ходе исследования в качестве материала для молекулярно-генетического исследования было использована периферическая кровь 37 больных с ИМ, находившихся в лечении АФ РСНПМЦК МЗ РУз. Средний возраст больных составил 62.2 ± 1.6 года. Молекулярно-генетические исследования выполнялись в отделе молекулярной медицины и клеточных технологий РСНПМЦ гематологии РУз.

Результаты. Результаты анализов данного исследования показали что, частота распределения аллелей С677Т в гене МТНFR в группах пациентов с ИМ и контроля составила: (дикий) С аллель 64.9% против 72.8% и (неблагоприятный) Т аллель 35.1% против 27.2% соответственно. Результаты показали что дикий аллель С и неблагоприятный аллель Т встречались в незначимых количествах в основной группе (при $\chi^2=1.66$; $P=0.2$; $OR=0.7$; $95\%CI:0.39-1.22$ и $\chi^2=1.66$; $P=0.2$; $OR=1.4$; $95\%CI:0.82-2.56$). В группе больных с ИМ и контроля распределение С/С, С/Т, Т/Т генотипов С677Т в гене МТНFR составили: 40.5%, 48.6% и 10.8% против 54.4%, 36.9% и 8.7%, соответственно. Анализы расчётов показали незначимое уменьшение количество благоприятного генотипа С/С (при $\chi^2=2.8$; $P=0.1$; $OR=0.6$; $95\%CI:0.27-1.23$) и незначимое увеличение частоты неблагоприятного маркера Т/Т (при $\chi^2=0.58$; $P=0.4$; $OR=1.7$; $95\%CI:0.45-6.14$) в основной группе чем группе контроля. Выявлено слабая тенденция к увеличению частоты гетерозиготного генотипа С/Т (при $\chi^2=1.98$; $P=0.2$; $OR=1.8$; $95\%CI:0.79-3.93$). В основной группе при обнаружение этого маркера, риск развитие ИМ возрастает на 1.8 раза больше чем группе контроля.

Заключение. Таким образом, рассчитанный относительный риск развития ИМ в данной группе незначительно (1.8 раза) возрастал при обнаружении генотипов С/Т. Из ходя из результатов данного исследование, в целях эффективной профилактики тромбогенных осложнений у больных с гиперкоагуляционным синдромом целесообразно рекомендовать проведение генотипирования полиморфизма С677Т в гене МТНFR не отдельно, а в сочетании с другими генами фолатного цикла и тромбоцитарного звена гемостаза.