

Выводы: Таким образом, установлены особенности распределения генетических вариантов лимфотоксина α среди мужского и женского населения Центрального Черноземья России, которые могут определять половые различия в частоте мультифакториальных заболеваний.

ОЦЕНКА АССОЦИАЦИИ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ВАРИАНТОВ ЛОКУСА -592 C/A IL-10 С ФОРМИРОВАНИЕМ ХРОНИЧЕСКОГО КАЛЬКУЛЕЗНОГО ХОЛЕЦИСТИТА

Черкашина О.В., Демин С.С.

Белгородский государственный национальный исследовательский
университет

Актуальность: желчнокаменная болезнь (ЖКБ) является значимой медицинской и социальной проблемой. ЖКБ занимает второе место в гастроэнтерологии после язвенной болезни желудка, а по числу оперативных вмешательств холецистэктомии уступают лишь аппендэктомии. По имеющимся данным, у современных жителей Земли, желчные камни обнаруживают у 24% женщин и 12% мужчин, причём с каждым годом наблюдается неуклонный рост заболеваемости. У каждого пятого-шестого пациента, имеющего камни в желчном пузыре, выявляются камни в общем печеночном протоке и общем желчном протоке. Статистические исследования последних десятилетий свидетельствуют о том, что за каждые 10 лет количество больных увеличивается почти в 2 раза. Согласно современным представлениям, процесс образования камней в желчном пузыре и в желчных протоках, требует наличия двух механизмов: обменного и воспалительного. Выделяют ряд факторов, приводящих к формированию хронического калькулезного холецистита (ХКХ): избыточная масса тела, возраст, женский пол, уровень социально-экономического статуса, нарушение обмена холестерина, сахарный диабет, гипотериоз, беременность и др. Значимую роль играют генетические факторы. Среди генов, регулирующих преимущественно процессы воспаления, важное значение имеют интерлейкины. Взаимодействуя со специфическими рецепторами, они являются одними из главных звеньев в воспалительном каскаде при ЖКБ.

Цель исследования: изучение роли генетического полиморфизма -592 C/A IL-10 в формировании ХКХ.

Материалы и методы: группу исследования составили 719 человек: 247 больных ХКХ и 472 человека популяционного контроля. В неё включались индивидуумы русской национальности, являющиеся уроженцами Центрального Черноземья РФ и не имеющие родства между собой. Материалом для исследования послужила венозная кровь в объеме 4-5 мл. Выделение геномной ДНК из периферической крови проведено методом фенольно-хлороформной экстракции. Анализ локуса -592 C/A IL-10 осуществлялся методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) синтеза ДНК.

ПЦР проводилось на амплификаторе IQ 5 (Bio-Rad) в режиме real time с использованием ДНК-полимеразы *Thermus aquaticus* производства фирмы «Силекс-М» и олигонуклеотидных праймеров и зондов, синтезированных фирмой «Синтол». Генотипирование ДНК-маркера осуществлено методом анализа дискриминации аллелей на основе Taq Man зондов.

Результаты: среди больных ХКХ выявлены следующие частоты генотипов по изучаемому локусу: -592 CC – 53,85%; -592 CA – 42,11%; -592 AA – 4,04%, и следующие частоты аллелей: -592 A – 74,9%; -592 C – 25,1%. В популяционном контроле частоты генотипов составили: -592 CC – 55,3%; -592 CA – 40,04%; -592 AA – 4,66%, частоты аллелей: -592 A – 75,32%; -592 C – 24,68%.

Выводы: статистически достоверных отличий в концентрациях аллелей и генотипов по данному локусу в сравниваемых группах больных ХКХ и популяционном контроле не выявлено ($p > 0,05$). Таким образом, полученные данные позволяют заключить, что генетический полиморфизм -592 C/A IL-10 не вовлечен в формирование предрасположенности к развитию ХКХ.