

<sup>2</sup>Курский государственный медицинский университет, кафедра педиатрии

<sup>3</sup>Курский государственный университет, НИЛ «Генетика» КГУ

Атопический дерматит – это хроническое заболевание кожи, развивающееся у лиц с генетической предрасположенностью к атопии, имеющее рецидивирующее течение с возрастными особенностями клинических проявлений и характеризующееся экссудативными и/или лихеноидными высыпаниями, повышением уровня сывороточного IgE и гиперчувствительностью к специфическим и неспецифическим раздражителям.

Материалом для исследования активности рибосомных генов лимфоцитов периферической крови человека, а также их фенотипического проявления послужила выборка больных постоянно проживающих на территории Курской области в возрасте от 1 года до 14 лет. Всего было рассмотрено 50 случаев заболевания атопическим дерматитом, также 50 индивидов составили контрольную группу.

Статистический анализ полученных данных проводился на ПК с использованием пакета прикладных программ Statistica 8.0 фирмы StatSoft Inc. (США) и MS Excel.

Обработка данных осуществлялась по стандартным методикам вариационной статистики. Для выявления связей между признаками использовался корреляционный анализ.

Установлено, что функциональная активность рибосомных генов при атопическом дерматите составила  $19,70 \pm 0,20$  усл.ед., что не отличалось от контрольной группы ( $19,38 \pm 0,22$ ,  $t=1,07$ ). Однако, представилось важным оценить взаимосвязи фенотипического проявления атопического дерматита в зависимости от уровня экспрессии рибосомных генов.

В результате проведенного корреляционного анализа было установлено 4 связи на статистически значимом уровне. Показатель общей активности рибосомных генов, а также показатель активности рибосомных генов, локализованных в хромосомах группы D, образовывали связи прямой направленности с показателем числа обострений в первый год заболевания ( $r=0,28$  и  $r=0,29$  соответственно). Также показатель активности рибосомных генов, локализованных в хромосомах группы D, находился в обратной корреляционной зависимости от характера распространенности дерматита ( $r=-0,24$ ). Наиболее важной явилась взаимосвязь показателя ФАРГ по D-хромосомам с показателем степени тяжести заболевания ( $r=0,27$ ). При этом установлено, что при тяжелом течении заболевания увеличивается экспрессия рибосомных генов, локализованных в хромосомах группы D. Остальные показатели уровня ФАРГ не образовывали корреляционных связей с клиническими характеристиками на статистически значимом уровне. Ряд корреляционных взаимосвязей образовывали клинические характеристики детей с АД между собой, а также с показателями антенатального и раннего постнатального периодов развития и социально-биологическими характеристиками детей с АД.

Полученные данные свидетельствуют о вовлеченности уровня экспрессии рибосомных генов в развитие атопического дерматита в детском возрасте. При этом изменение уровня их активности носит важный прогностический характер для анализа развития данного заболевания.

## **РЕЗУЛЬТАТЫ БИОИНФОРМАТИЧЕСКОГО АНАЛИЗА ПОДВЕРЖЕННОСТИ К МИОМЕ МАТКИ**

*Пономаренко И.В.*

ФГАОУ ВПО «Белгородский государственный национальный исследовательский университет», г. Белгород, Россия

Миома матки – одна из наиболее распространенных доброкачественных опухолей женской половой сферы. Согласно литературным данным, миому матки диагностируют у

30-35% женщин репродуктивного возраста, а в перименопаузальном периоде частота ее возникновения составляет около 60%. Миома матки является главной причиной гистерэктомии во многих странах мира. В России, по различным данным, с миомой матки связано до 50-70% случаев гистерэктомии при заболеваниях матки. Данная патология является причиной значительного снижения качества жизни у большей части женского населения.

Целью работы явилось изучение роли комбинации генов rs12324955, rs757647 и rs1782507 в формировании миомы матки среди населения Центрального Черноземья России.

Группу исследования составили 1222 индивидуума: 227 пациенток с миомой матки и 995 женщин контрольной группы. В выборки больных и контроля были включены женщины русской национальности, являющиеся уроженками Центрального Черноземья РФ и не состоящие в родстве между собой. Материалом для исследования послужила венозная кровь в объеме 6 мл, взятая из локтевой вены пробанда. Выделение геномной ДНК из периферической крови проведено методом фенольно-хлороформной экстракции. Исследование полиморфизма проводилось с помощью метода полимеразной цепной реакции с использованием соответствующих праймеров и зондов на амплификаторе IQ5. Генотипирование осуществлялось методом дискриминации аллелей.

Получены следующие результаты. Установлено, что у пациенток с миомой матки сочетание аллелей G rs12324955 с T rs757647 и C rs1782507 встречается с наибольшей частотой (28,97%) по сравнению с контрольной группой (22,85%,  $p=0,03$ , OR=1,38, 95% CI 0,99-1,92). Кроме того, зарегистрированы статистически достоверные различия в концентрациях комбинации генетических вариантов GG rs12324955 с C rs757647 и A rs1782507 между группой больных с миомой матки (37,38%) и контрольной группой (44,65%,  $p=0,03$ , OR=0,74, 95% CI 0,55-1,01).

Таким образом среди женщин Центрального региона России сочетание аллелей G rs12324955, T rs757647 и C rs1782507 является фактором риска развития миомы матки (OR=1,38), а протективное значение имеет комбинация молекулярно-генетических маркеров GG rs12324955 с C rs757647 и A rs1782507 (OR=0,74).

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФИ «Изучение вовлеченности генетических полиморфизмов, связанных с возрастом менархе, в развитии гиперпластических процессов матки у населения Центрального Черноземья России».