

вероятности наступления осложнений. При высокой вероятности развития дисфункции миокарда ребенка следует включить в группу риска по кардиальным осложнениям для проведения курса превентивных мероприятий. Диагностическая чувствительность прогностической модели составила 77,7%, в то время как диагностическая специфичность – 87,5%. Диагностическая эффективность модели – 84,0%.

ОЦЕНКА АССОЦИИИ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ВАРИАНТОВ ЛОКУСА - 592 С/А IL-10 С ФОРМИРОВАНИЕМ ХРОНИЧЕСКОГО КАЛЬКУЛЕЗНОГО ХОЛЕЦИСТИТА

Черкашина О.В., Демин С.С.
БелГУ, Белгород

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. 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). Значимую роль играют генетические факторы. Среди генов, регулирующих преимущественно процессы воспаления, важное значение имеют интерлейкины. Целью данной работы стало изучение роли генетического полиморфизма -592 С/А IL-10 в формировании ХКХ. Группу исследования составили 719 человек: 247 больных ХКХ и 472 человека популяционного контроля. Исследование полиморфизма проводилось методом полимеразной цепной реакции с использованием стандартных праймеров и зондов с последующим генотипированием методом Tag Map зондов. Среди больных ХКХ выявлены следующие частоты генотипов по изучаемому локусу: -592 СС – 53,85%; -592 СА – 42,11%; -592 АА – 4,04%, и следующие частоты аллелей: -592 А – 74,9%; -592 С – 25,1%. В популяционном контроле частоты генотипов составили: -592 СС – 55,3%; -

592 СА – 40,04%; -592 АА – 4,66%, частоты аллелей: -592 А – 75,32%; -592 С – 24,68%. 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 С/А IL-10 не вовлечен в формирование предрасположенности к развитию ХКХ.

ОТРАБОТКА СПОСОБА ДНК-ИДЕНТИФИКАЦИИ ЧЕЛОВЕКА С ПОМОЩЬЮ ГЕНЕТИЧЕСКОГО ШТРИХ-КОДИРОВАНИЯ НА ОСНОВЕ ДНК, ВЫДЕЛЕННОЙ ИЗ РАЗЛИЧНЫХ БИОМАТЕРИАЛОВ

*Чубукова О.В., Гарафутдинов Р.Р., Сахабутдинова А.Р., Матниязов Р.Т.,
Нагаев Н.Р., Чемерис А.В.
ИБГ УНЦ РАН, Уфа*

Одной из социально-значимых задач современности является разработка способа однозначной идентификации личности. Развитие молекулярной биологии значительно расширило возможности ДНК-идентификации с помощью методов, позволяющих выделить и амплифицировать ДНК из ничтожных количеств биоматериала [1]. Однако существующие ныне подходы обладают рядом недостатков и не могут в полной мере удовлетворять современным потребностям общества. Нами предложен подход к ДНК-идентификации личности, основанный на построении уникального для каждого человека генетического штрих-кода (ГШК) на основе высокополиморфных однонуклеотидных замен (SNP).

Традиционно при ДНК-идентификации в качестве биоматериала-источника ДНК используется в первую очередь кровь. Однако забор крови постепенно вытесняется другими способами. Так, забор волос, букального и кожного эпителия является неинвазивной процедурой, что актуально для детей. В криминалистической практике часто приходится сталкиваться со следами крови, спермы, слюны. Объекты биологического происхождения могут сильно отличаться друг от друга по содержанию ДНК, поэтому при выделении последней должна учитываться специфика образца.

В нашем исследовании методики выделения ДНК из букального и кожного эпителия, волос, слюны, засохших пятен крови и спермы были оптимизированы под способ ДНК-идентификации человека с помощью