

Некоммерческое Акционерное общество
«Медицинский Университет Караганды»

УДК 616.1/132.2-612.398.3/6.052.4-089–084

На правах рукописи

КАЛИМБЕТОВА АКЕРКЕ БАУРЖАНОВНА

**Молекулярно-генетическое прогнозирование риска развития новых
сердечно-сосудистых событий после стентирования коронарных артерий**

Диссертация на соискание степени
доктора философии (PhD)

8D10100 – Медицина

Научные консультанты
доктор медицинских наук,
профессор
Д.Ж. Тайжанова

доктор PhD,
профессор,
А.Р. Акильжанова

профессор
Grigoris T Gerotziapas,
(Париж)

Республика Казахстан
Караганда, 2023

СОДЕРЖАНИЕ

НОРМАТИВНЫЕ ССЫЛКИ	4
ОПРЕДЕЛЕНИЯ	5
ОБОЗНАЧЕНИЯ И СОКРАЩЕНИЯ	6
ВВЕДЕНИЕ	8
1 ЛИТЕРАТУРНЫЙ ОБЗОР	13
1.1 Современное состояние проблемы сердечно-сосудистой заболеваемости и смертности.....	13
1.2 Генетические факторы развития кардиоваскулярных событий.....	14
1.3 Ассоциация генов биомаркеров воспаления и иммунного ответа с риском развития кардиоваскулярных событий.....	16
1.4 Ассоциация генов биомаркеров системы гемостаза, связанных с риском развития кардиоваскулярных событий.....	18
1.5 Гены биомаркеров липидного обмена, связанных с кардиоваскулярными событиями.....	23
1.6 Гены биомаркеров эндотелия, связанных с кардиоваскулярными событиями.....	25
2 МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЯ	29
2.1 Формирование выборки пациентов и общая характеристика пациентов, участвующих в исследовании.....	29
2.1.1 Объект исследования.....	30
2.1.2 Клиническая характеристика пациентов.....	31
2.2 Методы исследования.....	31
2.2.1 Генетическое исследование для определения полиморфизма генов кардиологического профиля (выделение человеческого ДНК методом высаливания).....	32
2.2.2 Генетическое исследование для определения полиморфизма генов кардиологического профиля (генотипирование).....	33
2.3 Методы статистического анализа результатов исследования.....	36
2.4 Этическое одобрение.....	37
3 РЕЗУЛЬТАТЫ СОБСТВЕННЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ	38
3.1 Оценка клинико-лабораторных характеристик риска развития новых сердечно-сосудистых событий у больных с ИБС после чрескожного коронарного вмешательства.....	38
3.2 Роль полиморфизмов генов в риске развития новых сердечно-сосудистых событий у больных с ИБС после чрескожного коронарного вмешательства в зависимости от этнической принадлежности пациентов и патогенетических факторов развития заболевания.....	46
3.2.1 Гены биомаркеров воспаления и иммунного ответа, связанных с риском развития кардиоваскулярных событий.....	48
3.2.2 Гены биомаркеров системы гемостаза, связанных с риском развития кардиоваскулярных событий.....	66
3.2.3 Гены биомаркеров липидного обмена, связанных с	

кардиоваскулярными событиями.....	80
3.2.4 Гены биомаркеров эндотелия, связанных с кардиоваскулярными событиями.....	108
3.3 Оценка прогностической значимости полиморфизмов в риске развития осложнений и исходов после чрескожного коронарного вмешательства.....	131
3.4 Предикторы развития сердечно-сосудистых событий в раннем и отдаленном периоде после чрескожного коронарного вмешательства...	131
ЗАКЛЮЧЕНИЕ.....	133
СПИСОК ИСПОЛЬЗУЕМЫХ ИСТОЧНИКОВ.....	137
ПРИЛОЖЕНИЕ А – Свидетельство об авторском праве.....	146
ПРИЛОЖЕНИЕ Б – Акты внедрения.....	149
ПРИЛОЖЕНИЕ В – Анкета для оценки риска развития осложнения на фоне двойной антиагрегантной терапии у кардиологических пациентов	151
ПРИЛОЖЕНИЕ Г – Панель полиморфизмов, ассоциированных сердечно-сосудистыми событиями после стентирования коронарных артерий	153

НОРМАТИВНЫЕ ССЫЛКИ

В настоящей диссертации использованы ссылки на следующие стандарты:

Закон Республики Казахстан. О науке: принят 18 февраля 2011 года, №407-IV ЗРК.

Инструкция по оформлению диссертации и автореферата: утв. приказом Председателя ВАК МОН РК №377-Зж от 28.09.2004.

Правила присуждения ученых степеней: утв. приказом МОН РК от 31 марта 2011 года № 127

Межгосударственные стандарты: ГОСТ 7.32–2001 (Введен взамен ГОСТ 7.32-2017 с 01.02.2019 г. с установлением переходного периода для ГОСТ 7.32-2001 до 01.02.2020 г.). Отчет о научно-исследовательской работе. Структура и правила оформления.

ГОСТ 7.1-2003. Библиографическая запись. Библиографическое описание. Общие требования и правила составления.

ГОСТ 7.9-95 (ИСО 214-76). Система стандартов по информации, библиотечному и издательскому делу. Реферат и аннотация. Общие требования.

Заключение этической комиссии НАО «МУК» (протокол №32 от 23.12.2019 года).

ОПРЕДЕЛЕНИЯ

В настоящей диссертации применяют следующие термины с соответствующими определениями:

Отношение шансов (OR, OR от «odds ratio») – статистика, отражающая в числовом выражении, как отсутствие или наличие определенного исхода связано с наличием или отсутствием определенного фактора в той или иной статистической группе.

Однонуклеотидный полиморфизм (Single nucleotide polymorphism, SNP) – отличия последовательности ДНК размером в один нуклеотид (А, Т, G или С). SNPs возникают в результате точечных мутаций.

ОБОЗНАЧЕНИЯ И СОКРАЩЕНИЯ

АГ	– артериальная гипертензия
АДФ	– аденозиндифосфат
АКШ	– аорто-коронарное шунтирование
АЛТ	– аланинаминотрансфераза
АСК	– ацетилсалициловая кислота
АСТ	– аспартатаминотрансфераза
АЧТВ	– активированное частичное тромбиновое время
БСК	– болезни системы кровообращения
ВОЗ	– Всемирная организация здравоохранения
ДАД	– диастолическое артериальное давление
ДАТ	– двойная антитромбоцитарная терапия
ДГЭА	– дегидроэпиандростерон
ДГЭА-С	– дегидроэпиандростерон-сульфат
ДИ	– доверительный интервал
ДНК	– дезоксирибонуклеиновая кислота
ЕОК	– Европейское общество кардиологов
ИБС	– ишемическая болезнь сердца
ИМ	– инфаркт миокарда
ИМТ	– индекс массы тела
КБА	– коронарная баллонная ангиопластика
ЛП	– лекарственные препараты
ЛПНП	– липопротеиды низкой плотности
ЛПВП	– липопротеиды высокой плотности
ЛС	– лекарственные средства
ММР	– матриксные металлопротеиназы
МНН	– международное непатентованное название
МНО	– международное нормализованное отношение
НИЗ	– неинфекционные заболевания
ОАК	– общий анализ крови
ОИМ	– острый инфаркт миокарда
ОКС	– острый коронарный синдром
ОКС БПС ST	– острый коронарный синдром без подъема сегмента ST
ОКС СПС ST	– острый коронарный синдром с подъемом сегмента ST
ОНМК	– острое нарушение мозгового кровообращения
ОНП	– одонуклеотидный полиморфизм
ОСН	– острая сердечная недостаточность
ПВ	– протромбиновое время
ПДЛ	– протоколы диагностики и лечения
ПТИ	– протромбиновый индекс
ПЦР	– полимеразно-цепная реакция
РВС	– Рестеноз внутри стента
РК	– Республика Казахстан

РКИ	– рандомизированное клиническое исследование
САД	– систолическое артериальное давление
СЛП	– стенты с лекарственным покрытием
СРБ	– С-реактивный белок
ССЗ	– сердечно-сосудистые заболевания
ССС	– сердечно-сосудистая система
ТГ	– триглицериды
ТИА	– транзиторная ишемическая атака
ХС	– холестерин
ХСН	– хроническая сердечная недостаточность
ФВ ЛЖ	– фракция выброса левого желудочка
ФК	– функциональный класс
ФР	– факторы риска
ЧКВ	– чрескожное коронарное вмешательство
ЭКГ	– электрокардиография
ЭХОКС	– эхокардиоскопия
СХ	– Левая огибающая коронарная артерия
LAD	– Левая коронарная артерия
MAF	– Minor allele frequency/ Показатель частоты минорного аллеля
OR	– odds ratio (отношение шансов)
RCA	– Правая коронарная артерия
SNP	– Single nucleotide polymorphism/однонуклеотидный полиморфизм

ВВЕДЕНИЕ

Актуальность исследования

Проблема лечения больных ишемической болезнью сердца (ИБС) остается одной из наиболее актуальных и приоритетных задач мирового и отечественного здравоохранения. Несмотря на достигнутые за последнее десятилетие значимые успехи в профилактике и лечении ИБС, заболевание продолжает занимать ведущие позиции в структуре заболеваемости и смертности населения развитых индустриальных стран.

Вопреки прогрессу и широкому использованию чрескожного коронарного вмешательства, развитие новых сердечно-сосудистых событий являются решающими факторами, которые лимитируют его долгосрочную эффективность.

Развитие кардиоваскулярных событий может зависеть от процедуры интракоронарного вмешательства, наличия сопутствующих заболеваний, степени и обширности поражения, длины поражения, диаметра просвета сосуда после имплантации и других факторов.

На сегодняшний день существует ряд диагностических концепций, определяющих актуальность исследования, направленных на изучение факторов, влияющих на развитие новых сердечно-сосудистых событий после реваскуляризации коронарных артерий.

Одним из важных направлений, представляющих интерес в современном мире, является изучение роли полиморфизма генов в развитии фатальных сердечно-сосудистых событий.

В предпринимаемых генетических исследованиях в области кардиологии продолжают научные дискуссии о значимости полиморфизма генов в риске развития сердечно-сосудистых осложнений после интервенционных вмешательств, что несомненно вызывает значимый интерес в оценке молекулярных и генетических предикторов в развитии сердечно-сосудистых событий.

Научная гипотеза: Полиморфизм генов влияют на риск развития новых сердечно-сосудистых событий после стентирования коронарных артерий.

Цель исследования: оценить взаимосвязь клинических и полиморфных генетических маркеров с риском развития новых сердечно-сосудистых событий при ИБС в раннем и отдаленном периодах после установки стента.

Задачи исследования:

1. Оценить значимость клинико-лабораторных показателей в риске развития сердечно-сосудистых событий у пациентов с ИБС после чрескожного коронарного вмешательства.
2. Определить ассоциацию полиморфных генетических маркеров с риском развития сердечно-сосудистых событий после чрескожного коронарного вмешательства в этнической группе казахов в зависимости от патогенетических факторов развития заболевания.

3. Оценить прогностическую значимость полиморфизма генов в риске развития осложнений и исходов после чрескожного коронарного вмешательства.

4. Разработать предикторы развития сердечно-сосудистых событий в раннем и отдаленном периодах после чрескожного коронарного вмешательства.

Научная новизна:

– выявлены новые клинические маркеры, ассоциированные с риском развития новых сердечно-сосудистых событий в раннем периоде после установки стента в этнической группе казахов.

По материалам диссертации получены 2 свидетельства о регистрации прав на объект авторского права (Приложение А):

1. KZ №13260. Свидетельство о внесении сведений в государственный реестр прав на объекты, охраняемые авторским правом от 17 ноября 2020 г. «Анкета оценки риска осложнения на фоне двойной антиагрегантной терапии у кардиологических пациентов».

2. KZ №13249. Свидетельство о внесении сведений в государственный реестр прав на объекты, охраняемые авторским правом от 16 ноября 2020г. «Анкета оценки факторов риска при фибрилляции предсердия».

3. Впервые определена ассоциация генетических вариантов полиморфизма с кардиоваскулярными рисками у пациентов с принадлежностью к этнической группе казахов: rs1234313-TNFSF4; rs3184504 - SH2B3; rs2340690 - HSPE1; rs6725887 - ICA1L; rs1799963 - SKAP5; rs1799983 - SKAP5; rs688034 -SEZ6L; rs268 - LPL; rs2229616 - MC4R; rs2943634; rs599839 - PSRC1; rs2774279 - USF1; rs1800783 - NOS3; rs1051730 - NOS3; rs10116277 - CDKN2B-AS1; rs2383207 - CDKN2B-AS1; rs2713604 - DNAJB8-AS1; rs9536314 - KL.

4. Впервые определен генетический полиморфизм в риске развития сердечно-сосудистых событий после эндоваскулярного вмешательства у пациентов с ИБС в отдаленном периоде.

5. Установлены новые ассоциации клинико-генетических предикторов, повышающих риск новых кардиоваскулярных событий после чрескожного коронарного вмешательства.

По материалам диссертации получено свидетельство о регистрации прав на объект авторского права (Приложение А):

KZ №31084. Свидетельство о внесении сведений в государственный реестр прав на объекты, охраняемые авторским правом. 14 декабря 2022 г. «Алгоритм прогнозирования развития новых сердечно-сосудистых событий после ЧКВ. Тері арқылы коронарлық араласудан кейін жаңа жүрек-қан тамырлары оқиғаларының дамуын болжау алгоритмі».

Практическая значимость. Будут предложены клинико-генетические предикторы для прогнозирования риска развития новых сердечно-сосудистых событий в раннем и отдаленном периодах после установки стента.

Внедрение в практику.

Результаты исследования внедрены в кардиологическую практику для прогнозирования осложнений после проведения чрескожного коронарного вмешательства в раннем и отдаленном периодах. В учебный процесс кафедры внутренних болезней НАО «МУК» по образовательной программе: 7R01108 "Кардиология взрослая, детская" для резидентов внедрена информация по предикторам прогнозирования сердечно-сосудистых событий после ЧКВ в рамках практических занятий и семинаров (Приложение Б).

Основные положения, выносимые на защиту:

1. Риск новых неблагоприятных сердечно-сосудистых событий в раннем периоде после чрескожного коронарного вмешательства повышается при наличии факторов риска в виде избыточной массы тела, ожирения 1 и 2 степени, высокого уровня липопротеидов низкой плотности, а также пожилого возраста пациента: (соответственно: 3,9; 12,6; 8,0; 1,6; 1,07 раз). Кардиальный риск значительно возрастает при наличии нарушения ритма и хронической сердечной недостаточности: (соответственно: 9,0 и 25,0 раз).

2. Идентификация интергенного полиморфизма гена rs2943634 после чрескожного коронарного вмешательства прогнозирует высокий риск развития кардиоваскулярных событий в отдаленном периоде (OR- 4,0 раза, $p=0,006$).

3. Идентификация полиморфизма гена биомаркеров воспаления (Rs 1234313 гена TNFSF4), гена иммунного ответа (Rs 3184504 гена SH2D3), гена биомаркеров липидного обмена (Rs 2943634), гена биомаркеров сосудистого эндотелия (Rs 2713604, DNAJB8-AS1) повышают риск развития новых кардиоваскулярных событий.

4. К генетическим полиморфизмам, увеличивающим кардиоваскулярные риски у пациентов с этнической принадлежностью казахам относятся:

– генотипы генов биомаркеров воспаления и иммунного ответа: rs1234313 TNFSF4, $p=0,000$; rs3184504-SH2B3, $p=0,000$; rs2340690-HSPE1, $p=0,002$; rs6725887-ICA1L, $p=0,002$;

– генотипы генов биомаркеров системы гемостаза: rs1799963-CKAP5, $p=0,000$; rs1799983-CKAP5, $p=0,008$; rs688034-SEZ6L, $p=0,045$;

– генотипы генов биомаркеров липидного обмена: rs268-LPL, $p=0,022$; rs2229616-MC4R, $p=0,000$; rs2943634, $p=0,030$; rs599839-PSRC1, $p=0,030$; rs2774279-USF1, $p=0,006$;

– генотипы генов биомаркеров эндотелия: rs1800783-NOS3, $p=0,000$; rs1051730-NOS3, $p=0,001$; rs10116277-CDKN2B-AS1, $p=0,001$; rs2383207-CDKN2B-AS1, $p=0,004$; rs2713604-DNAJB8-AS1, $p=0,000$; rs9536314-KL, $p=0,000$.

5. В развитии новых сердечно-сосудистых событий в раннем и отдаленном периодах после эндоваскулярных вмешательств относятся комплекс клинико-генетических предикторов: пожилой возраст пациента, избыточная масса тела, ожирение 1-2 степени, повышение липопротеидов низкой плотности, нарушения ритма сердца, хроническая сердечная недостаточность в ассоциации с полиморфными генетическими маркерами.

Связь диссертации с другими научно-исследовательскими работами

Диссертационная работа выполнена на кафедре внутренних болезней и в Лаборатории коллективного пользования НАО «МУК».

Реализация диссертационной работы осуществлялась в рамках программно-целевого финансирования МОН РК на 2018-2020 гг. по теме: «Персонафицированный подход в решении ряда значимых заболеваний», по задаче 3: «Поиск и оценка основных генетических маркеров устойчивости к антиагрегантной терапии у больных ишемической болезнью сердца среди представителей основной этнической группы Казахстана». Регистрационный номер №0118РКО1034.

Апробация диссертации

Основные положения диссертации представлены:

1. The International Conference of the European Society of Cardiology «Heart & Stroke» (Барселона, 2020. - 24.01.-25.01).

2. Российском национальном конгрессе кардиологов (Казань, 2020 – 29.09.-01.10).

3. Российском национальном конгрессе кардиологов (Санкт-Петербург, 2021 – 21.10.-23.10).

4. Онлайн конференции “Gene polymorphism and oncogenesis”, 25.05.2022 г., которая проводилась совместно НАО «МУК» и «Life Science Leadership School» в рамках серии семинаров «Permanent International Conference On Health Innovative Solutions», 2021-2022 гг. (Караганда).

5. 1-й межвузовской конференции «Актуальные вопросы соматических заболеваний» (Москва, 2022 – 09.06.-10.06).

6. На расширенном заседании кафедры внутренних болезней (протокол №10/А от 29.06.2022 года) НАО «МУК».

Сведения о публикациях

Опубликовано 19 научных работ, включая 7 статей, 12 тезисов. Из них 3 работы в изданиях рейтингового агентства Scopus > 25 перцентилей, 3 статьи в журналах, рекомендованных Комитетом по контролю в сфере образования и науки МОН РК Республики Казахстан, 1 в зарубежном журнале. Результаты исследования по клиническим данным доложены в работе 5 конференции в виде 4 постерных докладов и 2 устных докладов. Получены 3 свидетельства о внесении сведений в государственный реестр прав на объекты, охраняемые авторским правом (KZ №13260, KZ №13249, KZ №31084).

Личный вклад автора.

Проведен аналитический обзор отечественной и зарубежной литературы по изучаемой проблеме. Осуществлен сбор и обработка первичного материала, формирование базы данных, выделение ДНК методом высаливания. Совместно с научными сотрудниками Лаборатории коллективного пользования НАО «МУК» проведено выполнение молекулярно-генетического анализа. Самостоятельно на завершающем этапе исследования выполнена статистическая обработка, анализ и изложение полученных результатов.

Объём и структура диссертации. Диссертация имеет традиционную структуру в соответствии положению: содержание, список обозначений и сокращений, введение, обзор литературы, разделы с описанием материалов и методов исследования, результаты исследования, обсуждение полученных результатов, заключение, выводы, список цитируемой литературы и приложения. Диссертация изложена на 145 листах компьютерного текста. Список литературы содержит 121 источник, в том числе 3 на русском и 118 на иностранных языках. Диссертация иллюстрирована 7 рисунками, 235 таблицами, включает 4 приложения.

1 ЛИТЕРАТУРНЫЙ ОБЗОР

1.1 Современное состояние проблемы сердечно-сосудистой заболеваемости и смертности

Болезни системы кровообращения (БСК) во всем мире и в Республике Казахстан занимают первые места по заболеваемости и смертности.

Согласно опубликованным от 9 декабря 2020 г. «Глобальным оценкам здоровья» (ВОЗ), 7 из 10 основных причин смерти в мире являются неинфекционными заболеваниями (НИЗ). В 2000 г. только четыре неинфекционных заболевания были среди ведущих причин смерти. Новые данные охватывают период с 2000 по 2019 гг. [1].

Первое место в списке десяти ведущих причин смерти по-прежнему занимают сердечно-сосудистые заболевания (ССЗ). ССЗ были основной причиной смерти во всем мире в течение 20 лет. Однако они никогда не уносили столько жизней, как на сегодняшний период. С 2000г. число умерших от ССЗ увеличилось более чем на 2 млн. и в 2019 г. достигло почти 9 млн. В современный период на ССЗ приходится 16% всех смертей в мире. Более половины из 2 млн. дополнительных смертей от ССЗ были зарегистрированы в регионе Западной части Тихого океана (ВОЗ, 09.12.2020 г.). В то же время в Европейском регионе наблюдалось относительное снижение смертности от болезней сердца на 15% [1].

Болезни сердца, диабет, инсульт, рак легких и хроническая обструктивная болезнь легких вместе взятые привели к потере почти 100 млн. дополнительных лет здоровой жизни в 2019 г. по сравнению с 2000 г. [1].

В Республике Казахстан основное бремя НИЗ приходится на 7 ведущих факторов риска: повышение артериального давления, курение, злоупотребление алкоголем, увеличение холестерина в крови, избыточная масса тела, недостаточное потребление овощей и фруктов, малоподвижный образ жизни. Так, среди казахстанских подростков (дети от 10 до 19 лет) у 5% выявлено ожирение и у 2% детей регистрируется избыточный вес. Потребление соли в Казахстане превышает рекомендуемый показатель ВОЗ, и по некоторым данным в 4 раза. Ежедневное потребление фруктов и овощей населением Республики Казахстан определяется ниже, чем средний Европейский показатель. По результатам оценок в 2015 г. 28% мужчин и 25% женщин старше 18 лет имели повышенное артериальное давление. Последние данные оценки уровня холестерина показывают, что у 46% граждан в возрасте 25 лет и старше и констатируется повышенный уровень общего холестерина. В Казахстане распространенность табакокурения составляет 42,4% среди мужчин и 4,5% среди женщин [2].

В структуре заболеваний среди причин смертности первое место занимают БСК. В 2018 году от БСК умерло 167,38 на 100 тыс. человек, что на 13% ниже, чем в 2015 году. Среди умерших от БСК в стационарах пациентов 40,4% были трудоспособного возраста (от 15 до 64 лет). Среди БСК лидируют ишемическая болезнь сердца (ИБС), от которой в Казахстане в год умирает

11,3 тыс. человек (71,7 на 100 тыс. населения); а также острые нарушения мозгового кровообращения (ОНМК), в год умирает 11,1 тыс. пациентов (71,8 на 100 тыс. населения). Из числа лиц, перенесших острый инфаркт миокарда (ОИМ), на диспансерный учет берется 69%, из числа пролеченных пациентов с ОНМК на диспансерный учет берется 24%, тогда как целью является наблюдение всех лиц, перенесших инсульт [2].

Одним из значимых целевых индикаторов Государственной программы развития здравоохранения Республики Казахстан на 2020-2025 годы является снижение уровня риска преждевременной смертности от 30 до 70 лет от сердечно-сосудистых и других неинфекционных заболеваний (НИЗ) до 15,43% [2].

По предварительным данным Министерства здравоохранения РК за 9 месяцев 2020 года общая заболеваемость на 100 тыс. населения снизилась на 2,6%, составив 53 909,4 в сравнении с аналогичным периодом 2019 года 55 364,9. На текущее время самый высокий показатель заболеваемости приходится на болезни органов дыхания (19 715,5 случаев на 100 тыс. населения), далее болезни системы кровообращения (увеличение случаев на 4,9%) составив 3 198,6 случаев на 100 тыс. населения, против 3049,1 случаев за аналогичный период 2019 года [3].

Ежегодно, в целом по республике на 10% увеличивается количество кардиохирургических операций, так по итогам 2016 года составив 36027 (2015 г. – 32604), в том числе 11862 операций на открытом сердце (АКШ) и 24165 интервенционных оперативных вмешательств (2015 г. – 11193 АКШ и 21411 интервенционных операций). Кроме того, на 13% увеличивается число выполненных интервенционных исследований, которые по итогам 2016 года составили 49225 против 43648 в 2015 году [3].

На сегодняшний день COVID-19 уже унес более 1,5 миллион жизней. Люди с другими заболеваниями (такими как болезни сердца, диабет и респираторные заболевания) подвергаются повышенному риску осложнений и смерти в случае заражения COVID-19. Органам здравоохранения во всем мире нужны актуальные, надежные и действенные данные для обоснованного принятия решений, особенно в условиях глобальной пандемии [1].

Таким образом, несмотря на прогрессирование в кардиологии, высоким остается процент неблагоприятных исходов среди пациентов с сердечно-сосудистыми заболеваниями.

1.2 Генетические факторы развития кардиоваскулярных событий

Согласно современной концепции, ИБС рассматривается как полиэтиологическое заболевание с выраженной генетической детерминантой. В связи с этим большое внимание уделяется анализу генетических особенностей, влияющих на развитие данного патологического состояния. В настоящее время существует два подхода к поиску генов, предрасполагающих к развитию заболеваний с генетической детерминантой. Первый (ассоциативный) основан на гипотезах о возможной роли того или иного гена в развитии заболевания.

Другой подход сочетает в себе методы, свободные от выбранных гипотез. Это метод сцепления, основанный на позиционном картировании локуса, и более современный метод полногеномного анализа ассоциаций (GWAS). Метод GWAS основан на сравнении результатов генотипирования тысяч полиморфных вариантов в когортах пациентов и контрольной группы.

В современный период в рамках ассоциативного подхода рассмотрено более 300 генов-кандидатов развития ИБС, а в ходе исследований GWAS выявлено более 32 локусов. Однако, несмотря на огромное количество работ по этой теме за последние 5 лет, более 7000, выполненных в ведущих лабораториях мира, данные о влиянии тех или иных генов на развитие ИБС в большинстве случаев противоречивы. Причиной этого являются этнические различия; плейотропный эффект генов; наличие субклинических фенотипов; неучтенные факторы внешней среды, влияющие на фенотипическое проявление генетических особенностей индивида и др.

Для систематизации имеющихся данных гены были объединены в группы в соответствии с процессами, в которых участвуют кодируемые ими белки.

Рассмотрены следующие группы генов:

– гены биомаркеров воспаления и иммунного ответа, связанных с риском развития сердечно-сосудистых событий (цитокин семейства факторов некроза опухоли TNFSF4, цитокин группы интерлейкинов IL 4, толл подобный рецептор, который участвует во врожденном иммунитете TLR 4, ген фермента, участвующего в структуре ремоделирования внеклеточного матрикса MMP 9, адаптерный белок лимфоцитов SH2B3, ген цитоплазматического белка, регулирующего ядерного нацеливания BRAP);

– гены биомаркеров системы гемостаза, связанных с риском развития сердечно-сосудистых событий (ген протромбина F2, свёртывающий фактор V(фактор Лейдена) F5, ген фибриногена FGB, тромбоцитарный гликопротеин IIIA ITGB3, метилентетрагидрофолат редуктазы MTHFR и т.д.);

– гены биомаркеров липидного обмена, связанных с сердечно-сосудистыми событиями (ген белка плазмы, облегчающий транспорт эфиров холестерина и триглицеридов между липопротеинами CETP, ген триацилглицерол печеночной липазы, расщепляющей триацилглицериды печени LIPC, ген белка переноса фосфолипидов PLTP, ген липопротеинлипазы LPL и т.д.);

– гены биомаркеров эндотелия, связанных с сердечно-сосудистыми событиями (ген эндотелиального (NOS-3) синтазы оксида азота, ген сосудистого эндотелина EDN1, ген регулирующей биосинтез оксида азота, ген пролиферации клеток сосудистой стенки CDKN2B-AS1, и т.д.).

Анализ имеющихся данных литературы возможно будет способствовать выбору оптимальной тактики генотипирования для пациентов с сердечно-сосудистой патологией и лиц группы риска.

1.3 Ассоциация генов биомаркеров воспаления и иммунного ответа с риском развития сердечно-сосудистых событий

Важную роль в патофизиологии сердечно-сосудистых событий играют процессы воспаления и иммунного ответа. В связи с этим изучению ассоциативных связей между полиморфизмом генов, вовлеченных в каскад реакций воспаления и иммунного ответа, экспрессией этих генов и риском развития сердечно-сосудистой патологии посвящено большое количество исследований.

Одним из крупнейших исследований по этой теме является работа Б. Брауна и др. [4], в котором проанализировано действие 51 полиморфного варианта в 35 генах воспалительной системы (IL1A, IL1B, IL4, IL6, IL9, IL10, IL13, IL4R, IL5RA, CCR2, CCR3, CCR5, VCAM, SELP, SELE, CTLA4, GC, CD14, TGF7, CSF2, ADRB2, LTC4S, LTA, TNF, NOS2A, NOS3, C5, SDF1, UGB, FCERB1, VDR, SCYA11, TGFB1, ICAM1 C3) на риск развития ИБС у 2870 жителей Великобритании из 930 семей. Наиболее статистически значимая связь отмечена для кластера генов IL1 (интерлейкина-1), в котором локализованы гены IL1A и IL1B, кодирующие цитокины IL-1 α и IL-1. Установлено, что носители гаплотипа ССС по генам IL1A (rs1800587, C-889T) и IL1B (rs1143634, C3954T; rs16944, C-511T), встречающиеся в европейской популяции с частотой 41%, имеют повышенный риск ИБС (p=0,006), ИМ (p=0,01), ИБС в возрасте до 50 лет (p=0,0002). В данном исследовании также выявлен повышенный риск ИБС для некоторых гаплотипов генов SCYA11 (эотаксин, rs3744508, G361A) и IL4R (рецептор IL 4, rs1805010, A398G), однако статистическая значимость результатов оказалась значительно ниже.

Ген IL4 кодирует интерлейкин 4, цитокин, который индуцирует дифференцировку хелперных Т-клеток (клеток Th0) в клетки Th2. После активации IL4 клетки Th2 впоследствии продуцируют дополнительный IL4 в петле положительной обратной связи. Он тесно связан и имеет функции, аналогичные IL13 (интерлейкин 13) [4, p. 272].

Ген TNF, также известный как TNF-альфа, кодирует цитокин с обширными воспалительными и иммунными функциями. Среди наиболее изученных однонуклеотидных полиморфизмов (ОНП) TNF есть два, обнаруженные в промоторе, оба из которых могут влиять либо на конститутивную, либо на индуцированную экспрессию TNF [4, p. 273].

Одним из представляющих интерес направлений в последнее время, является изучение роли полиморфизма генов матриксных металлопротеиназ (ММП) в развитии новых сердечно-сосудистых событий. Функция ММП может моделироваться определенными фармакологическими агентами, которые можно использовать для диагностики и лечения новых сердечно-сосудистых событий.

В генах ММП обнаружены полиморфные участки, варианты нуклеотидов, которые ассоциированы с уровнем экспрессии данных генов [5-7].

Принимая во внимание, что ОНП присутствуют с рождения и, как известно, связаны с изменениями активности ММП. Таким образом, изучение

ОНП может дать оценку воздействия в течение всей жизни и может помочь в получении дополнительной информации о причинно-следственной связи [8].

В 2007г было продемонстрировано, что одной из причин возникновения избыточной артериальной жесткости при артериальной гипертензии (АГ) и ИБС является разрушение межклеточного матрикса, в результате влияния замены цитозина на тимин полиморфизма MMP 9 (-1564) С/Т. Наличие аллеля Т напрямую связано с высокими показателями СРПВ [9]. Ряд исследований последних лет продемонстрировали яркие гендерные различия в присутствии аллеля Т и высокой СРПВ. Установлено, что у китайцев, имеющих Т-аллель, значительно выше СРПВ, и, особенно часто эта связь наблюдалась в группе пациенток в периоде менопаузы [10, 11]. При этом не только гомозиготы ТТ, но и гетерозиготы СТ имеют более высокую СРПВ, нежели гомозиготы СС; в результате высказано предположение о дозозависимым эффекте данной мутации [12-14]. В исследовании 2014 года [15] установлено, что у лиц, имеющих признаки метаболического синдрома, данный полиморфизм функционально более активен (ОШ=3,7) и имеет связь с развитием острых коронарных событий. Роль MMP2 (-1306 С/Т) в гипертрофии левого желудочка при АГ подтверждена [16], но влияние на СРПВ не изучалось.

В исследованиях *in vivo* генетический полиморфизм имеет влияние на дифференциальную экспрессию MMP [17]. Более того, полиморфизмы генов MMP ассоциированы с атеросклерозом и появлением острого инфаркта миокарда.

Одним из значимых дизайнов исследований является «случай-контроль». Имеется ряд исследований «случай-контроль», которые выявили потенциальную связь полиморфизма генов матриксных металлопротеиназ с сердечно-сосудистыми событиями. Хотя результаты до сих пор противоречивы, основные метаанализы [18-20], указывают на то, что полиморфизмы генов MMP-3 Glu45Lys и MMP9 1562 С / Т были связаны с риском развития ИБС.

Также имеются данные, что развитие аневризм также взаимосвязаны с полиморфизмом генов MMP. Например, некоторые генетические и морфологические исследования свидетельствуют о том, что аневризмы при двухстворчатом клапане есть следствие нарушенного строения и экспрессии ряда генов собственно аортальной стенки: снижение количества фибриллина, фрагментация эластина, изменение активности матриксных металлопротеиназ (MMP), особенно увеличение активности MMP 2 и фермента TIMP1 (тканевой ингибитор коллагеназы), и снижение активности MMP 1 [21-23]. Есть указания на тот факт, что подобные изменения могут являться следствием генных мутаций, поэтому представляет интерес изучение полиморфизма генов, кодирующих эти белки и регуляторы их активности [24]. Интересно, что ген TIMP1, кодирующий ингибитор активности MMP1, локализован на X-хромосоме [25], и его генетическая вариабельность может отчасти объяснить наблюдаемое нами преобладание больных мужского пола (3:1).

По данным исследования у пациентов с более активным генотипом (5A5A или 5A6A) MMP-3 более высокая экспрессия MMP-3 в сыворотке и

тканях, но у тех пациентов меньшие атеросклеротические бляшки с небольшим количеством соединительной ткани и тонкой фиброзной крышкой, которая чаще подвержена разрыву [26, 27]. Результаты других исследований подтверждают, что генотип ММР-3 5А5А важен для развития ОИМ [28-30], особенно у азиатского населения. Однако значение аллеля 5А в распространенности ОИМ у европейцев противоречива [31-33]. Данные исследования были проведены немцами и итальянцами, которые не выявили какой-либо связи между полиморфизмом 5А/3А ММР-3 и ИБС.

Blankenberg et al. (2003) показали, что концентрация ММР 9 была выше у пациентов с ИБС и может быть новым предиктором сердечно-сосудистых заболеваний. На уровень активности ферментов ММР влияют многие факторы, такие как генетический полиморфизмы ММР, лекарственные препараты и другие факторы [34].

Lacchini et al. (2010) обнаружили, что существуют межэтнические различия в генетических полиморфизмах ММР. Так, распределение аллеля Т гораздо выше у пациентов с ИБС в Восточной Азии, чем у жителей Запада или Запада Азии. Связь между генотипом ММР и концентрацией ММР также различаются в разных этнических группах. Кроме того, не выявлена тесная взаимосвязь между генетическим полиморфизмом ММР 9 и активностью фермента ММР 9 у здоровой популяции европеоидов [35]. Хотя в другом исследовании (Metzger et al., 2012), положительная связь была подтверждена у афроамериканцев [36].

В обзорном исследовании Juan et al наличие Т-аллеля С-1562Т полиморфизма гена ММР-9 может быть восприимчивым к пациентам с инфарктом миокарда только у европейцев, но не у азиатов [37]. Напротив, в другом обзоре Wang et al, ММР-9 С-1562Т был значительно связан с повышенным риском развития инфаркта миокарда в азиатской популяции, но ни в коем случае не у европейцев [38].

Таким образом, в связи тем, что имеются научные дискуссии о значимости полиморфизма генов матриксных металлопротеиназ в риске развития сердечно-сосудистых осложнений после интервенционных вмешательств, вызывает интерес оценка генетических предикторов развития сердечно-сосудистых событий.

Анализ связи между полиморфизмом генов системы воспаления и развитием ИБС представляется чрезвычайно актуальным. Важно установить причинно-следственную связь между биомаркером и развитием ИБС. Если биомаркер играет роль в развитии ИБС, знание аллельных вариантов генов, которые могут влиять на уровень его экспрессии или особенности функционирования, позволит проводить профилактические мероприятия для пациентов группы риска. Если изменение уровня биомаркера связано с течением заболевания (в субклинической или клинической форме), то важно знать, как активность рассматриваемого биомаркера влияет на тяжесть ИБС (клинический исход), что предопределяет актуальность поиска генетических вариантов, ответственных за особенности течения данного патологического

процесса. Возможен и противоположный подход – по результатам генотипирования больных по генам воспаления и биомаркерам иммунного ответа в проспективных и ретроспективных исследованиях определить генетические варианты, связанные с риском развития (особенностями течения) ИБС, и механизмы, посредством которых этот эффект реализуется.

1.4 Ассоциация генов биомаркеров системы гемостаза, связанных с риском развития сердечно-сосудистых событий

Активация и агрегация тромбоцитов играют важную роль в патогенезе атеросклероза и развитии его важнейших осложнений, таких как инфаркт миокарда (ИМ). В клинической практике хорошо известно, что, несмотря на доказанное наличие прогрессирующего атеросклероза, только у определенной группы больных развивается острый инфаркт миокарда (ОИМ). Причины персонализированных различий в предрасположенности ИМ мало изучены. Пациенты с повышенной свертываемостью крови и повышенной склонностью к образованию тромбов могут подвергаться высокому риску. Однако это трудно оценить в клинической практике, поскольку не существует уникального и надежного лабораторного маркера гиперкоагуляции. Кроме того, функциональные пробы, оценивающие концентрацию и функции белков свертывания и гемостаза, часто дают неадекватные результаты из-за применения антиагрегантов и антикоагулянтов или наличия сопутствующего воспаления. Генетические полиморфизмы с доказанным функциональным влиянием на белки свертывания крови могут быть полезным диагностическим и прогностическим маркером. За последнее десятилетие исследования полиморфизмов генов как факторов риска развития ИБС дали во многом убедительные результаты.

Фибриноген (фактор I) – один из основных факторов свертывающей системы, участвующий в процессе гемостаза. В дополнение к своей роли в реакции коагуляции, фибриноген участвует в патогенезе атеросклероза, способствуя адгезии тромбоцитов и лейкоцитов к поверхности эндотелия и модулируя связывание плазмина с его рецептором. Данные эпидемиологических исследований и метаанализов показывают, что повышенный уровень фибриногена в плазме связан с повышенным риском ИМ. Повышение уровня фибриногена плазмы на 1 г/л связано с более чем двукратным увеличением риска развития инсульта и сосудистой смертности [39]. Высокая концентрация фибриногена в плазме считается независимым предиктором риска развития ИМ [40].

Фибриноген циркулирует в плазме в виде димера. Зрелый белок фибриногена состоит из 2 цепей, каждая из которых в свою очередь имеет α -, β -, γ – полипептиды, которые кодируются генами FGA, FGB и FGG, расположенными в одном класстере на хромосоме 4. В генах фибриногена обнаружены ОНП, ассоциированные с различиями в уровнях фибриногена в плазме. «Случай-контроль» исследование с участием 305 пациентов с ИБС или ОКС и 305 здоровых лиц (группа контроля) выполнено в целях оценки влияния

ОНП и гаплотипов по генам FGA, FGB и FGG на развитие заболевания. ОНП FGB – 156 C>T (rs1800787) и FGB – 1428 G>A (rs1800789) оказывают протективное действие, снижая риск развития ССЗ приблизительно на 50% у гомозигот по минорным аллелям [41].

Минорные аллели четырех полиморфизмов в гене FGB, двух в гене FGA и одного полиморфизма в гене FGG ассоциированы с повышенным уровнем фибриногена в плазме. ОНП в промоторе гена FGB (-455GA, rs1800790) и в промоторе гена FGA (-58GA, rs2070011) влияют на уровень фибриногена в плазме и ассоциированы с риском развития ИБС.

Авторы исследования пришли к выводу, что при изучении причинно-следственной связи между ОНП генов фибриногена и уровнем фибриногена в плазме крови и развитием ИБС нужно включать в исследование эти две ОНП. Аллель FGB – 455A действует как независимый фактор риска развития ИБС, ОКС, болезни периферических артерий и ОНМК [42] Исследования *in vitro* показали, что аллель FGB – 455 A, связанный с высоким уровнем фибриногена, нарушает связывание с белком-репрессором, вследствие чего возрастает транскрипция цепи FGB [43].

M.N. Manila и соавторы изучили 8 распространенных полиморфизмов фибриногена у 377 пациентов с ПИМ и 387 здоровых людей и обнаружили, что гаплотипы, не индивидуальные полиморфизмы в отдельных генах фибриногена, связаны с риском развития ИМ [40, р. 137-1-137-14]. Наиболее распространенный гаплотип FGG – FGA*1 (FGG 1299 +79T/FGA – 58 G, частота 46,6%) ассоциирован с повышенным риском развития ИМ, в то время как наименее распространенный гаплотип FGG – FGA*4 (FGG 1299 + 79 C/FGA – 58 A, частота частота 11,8%), снижает риск развития ИМ.

Фактор V Лейденской системы свертывания крови входит в многочисленную группу факторов каскада коагуляции. Лейденская мутация типа «усиление функции» – замена гуанина на аденин в позиции 1691 (F5 1691 GA, Arg506Gln, rs6025), которая приводит к замене аргинина – 506 на глицин в молекуле белка и является причиной гиперкоагуляции и ответственна за высокий риск развития спонтанных венозных тромбозов.

Мутация GA (rs1799963) в гене фактора II, кодирующем фактор коагуляции фактора II – протромбин, также относится к мутациям типа «усиление функции» и является фактором риска венозного тромбоза. Мета-анализ 66155 случаев ИМ и стеноза коронарных артерий (контрольная группа включала в себя 91307 здоровых лиц) обнаружил небольшое, но значимое увеличение риска ИБС, ассоциированное с мутацией либо фактора V Leiden, либо протромбина [44]. Таким образом, Лейденская мутация и ОНП фактора II – установленные факторы риска не только венозной тромбоэмболии, но и артериального тромбоза.

Минорный аллель полиморфизма фактора V ассоциирован с повышенным риском ИМ у лиц моложе 45 лет, причем ассоциация значима после статистической поправки на традиционные факторы (p=0,006). Ранний ИМ выбран в качестве модели в связи с тем, что генетические факторы играют

более заметную роль в возникновении ОИМ у молодых людей до 45 лет [45-47]. Результаты по фактору V Лейденской системы независимо подтверждены в параллельном генотипировании, проведенном в рамках контроля качества, выполняемого перед включением образцов ДНК в исследования геномных ассоциаций [48]. Ассоциация фактора II с ИМ в этом исследовании не была статистически значима [46, p. 339].

Мембранный рецептор тромбоцитов гликопротеин GPIIb/IIIa (гликопротеин, β_3 -субъединица, $\alpha_{IIb}\beta_3$ - интегрин) связывается с фибриногеном и ФВ, что ведет к агрегации тромбоцитов и образованию кровяного сгустка. Известны две аллельные изоформы A1 и A2 гликопротеина GPIIb/IIIa. Структурной основой этого ОНП является мутация замены цитозина на тимидин в гене ITGB3, кодирующем гликопротеин GPIIb/IIIa, которая приводит к замене Leu33Pro в молекуле рецептора. Полиморфизм ITGB3 A1/A2 (rs 5918), распространенный полиморфизм тромбоцитов, изменяет функции $\alpha_{IIb}\beta_3$ – интегрин, такие как адгезия и ретракция кровяного сгустка, и играет важную роль в патогенезе атеротромботических заболеваний.

Полиморфизм A1/A2 ассоциирован с изменениями морфологии и структуры атеросклеротических бляшек и повышенным риском ИМ с подъемом сегмента ST у пациентов до 45 лет, тромбоза стента, рестеноза коронарных артерии и окклюзии стента [49, 50]. Аллель 2 повышает тромботический риск путем усиления связывания фибриногена и агрегации тромбоцитов. S.M. Voeckholdt и соавторы показали, что аллель 2 существенно влияет на риск развития ССЗ у лиц с максимальным содержанием фибриногена [51]. ИМ с подъемом сегмента ST составляет более 80% всех случаев ИМ у пациентов до 45 лет и чаще всего является результатом острого окклюзионного тромбоза в месте разрыва атеросклеротической бляшки в коронарной артерии. Эффект ОНП Leu33Pro на характеристики бляшки наблюдается только у гомозигот по рисковому аллелю. Полиморфизм Leu33Pro ассоциирован не только с повышенным уровнем активации тромбоцитов, но и с уменьшением толщины фиброзной покрышки атеросклеротической бляшки. Связаны ли это два проявления протромботического состояния причинно-следственной связью, не установлено. Однако результаты позволяют предположить, что гомозиготы по рисковому аллелю Leu33Pro могут быть предрасположены к повышенному риску развития разрыва атеросклеротической бляшки как из-за истончения ее фиброзного покрытия, так и в результате длительного провоспалительного состояния [49, p. 184; 50, p. 130; 51, p. 310; 52, 53].

В последние годы наблюдается значительный интерес к роли вариаций генов, кодирующих ферменты, участвующие в метаболизме гомоцистеина и фолиевой кислоты. Считается, что эти полиморфизмы увеличивают риск ИБС, хотя механизм, с помощью которого это может происходить, неясен. В нескольких молекулярно-эпидемиологических исследованиях оценивалась роль полиморфизмов генов метионинсинтетазы (MTR) A2756G, метионинсинтетазы редуктазы (MTRR) A66G и бетангомоцистеинметилтрансферазы (BHMT) G742A и некоторых других в патогенезе ИБС; Связь между этими

полиморфизмами и риском ИБС остается спорной.

Гомоцистеин (ГЦ) – токсичный продукт повышенного содержания метионина, в норме не накапливается за счет обратного превращения метионина с помощью витаминов группы В. Патогенные мутации в генах остатков фолиевой кислоты ограничивают конверсию, что может привести к гипергомоцистеинемии. Накапливаясь в очаге, гомоцистеин повреждает ткани сосудов с образованием атеросклеротических бляшек, что может привести к тромбозу или разрыву сосудов. Наиболее тяжелыми осложнениями гипергомоцистеинемии являются инсульты и инфаркты. Среди генов ферментов, обогащенных ГЦ и фолатами, наиболее изучен ген MTHFR, кодирующий метилентетрагидрофолатредуктазу (метилентетрагидрофолатредуктазу, MTHFR), особенно ОНП – C677T-rs1801133 этого гена. Фермент MTHFR катализирует превращение 5,10-метилентетрагидрофолата в 5-метилтетрагидрофолат, активную циркулирующую структуру фолиевой кислоты и ко-субстрат в реакции метилирования НС в метионин. Снижение активности MTHFR связано с предрасположенностью к атеросклерозу и ИБС.

Интенсивные исследования взаимосвязи между полиморфизмом C677T MTHFR и риском ИБС продолжаются более 20 лет. Несмотря на это, до сих пор нет единого мнения относительно самого факта влияния, а также того, какой аллель с большей вероятностью предрасполагает к этому заболеванию. Одним из крупнейших исследований влияния ОНП - MTHFR C677T на риск развития ишемической болезни сердца является метаанализ данных 80 клинических исследований (26 000 пациентов с ИБС и 31 183 здоровых контролей из населения Европы, Северной Америки, Азии и Австралии), которые продемонстрировали большую неоднородность результатов. Так, влияние носительства генотипа MTHFR 677TT, ассоциированного с гипергомоцистеинемией, в отношении риска развития ИБС оценивали от протективного до выражено отрицательного [54]. Более свежие данные свидетельствуют о том, что ОНП-MTHFR C677T приводит к снижению активности MTHFR, генотип 677TT ассоциирован с более высокими уровнями ГЦ по сравнению с вариантом 677CC, однако клиническая эффективность выявления этого ОНП не доказана [55].

P. Ashfield-Watt и соавт. [56] показали, что различия в концентрации ГЦ у носителей разных генотипов по полиморфизму MTHFR C677T зависят от содержания фолатов в плазме крови (сильно выражены при низком уровне фолиевой кислоты и исчезают после применения диеты, богатой фолатами). и/или препараты фолиевой кислоты). Чтобы объяснить неоднородность имеющихся результатов относительно влияния ОНП-MTHFR 677CT на риск развития ИБС. S. Lewis et al. [57] проанализировали связь средних концентраций ГЦ в плазме крови у носителей генотипов TT и CC с риском развития этой сердечно-сосудистой патологии. Полученные данные убедительно свидетельствуют о положительной связи между оцениваемыми параметрами. Сделан вывод, что влияние полиморфизма MTHFR 677CT на

риск развития ИБС значимо при наличии различий в уровне ГЦ между носителями разных генотипов. В свою очередь, эти различия во многом связаны с содержанием фолиевой кислоты в плазме крови и во многом определяются особенностями питания индивидуума. Влияние полиморфизма МТНFR С677Т на риск развития ИБС практически отсутствует у лиц, проживающих в Австралии и Северной Америке, и выражено у жителей Азии. Считается, что одной из причин отсутствия этой связи у жителей Северной Америки является регулируемое в США обогащение пищевых продуктов фолиевой кислотой, что приводит к повышению концентрации фолатов и снижению содержания ГЦ в плазме крови [57, р. 243]. Возможно, изучение влияния ОНП-МТНFR С677Т на фоне терапии фолиевой кислотой является методологической ошибкой, приведшей к противоречивым результатам и отсутствию консенсуса.

К. Mehlig и соавт. [58] анализировали ассоциацию ОНП С677Т с риском развития ИБС (рассматривались такие клинические проявления, как инфаркт миокарда (ИМ) и нестабильная стенокардия) у жителей Швеции (дизайн исследования «случай-контроль»). В результате исследования установлено, что с повышенным уровнем ГЦ и риском развития ИБС ассоциирован не термолабильный аллель Т, а аллель С, вне зависимости от таких факторов риска развития ИБС как курение, физическая активность и ожирение. Одним из объяснений гетерогенности имеющихся в литературе данных об ассоциации Т или С аллеля с риском развития ИБС могут быть другие полиморфные варианты в самом гене МТНFR или в иных генах, кодирующих ферменты метаболизма метионина и фолатов, также оказывающих влияние на уровень ГЦ и риск развития ИБС [59-62].

Гемостаз как сложное явление модулируется взаимодействием нескольких генетических факторов, не оказывающих преимущественного действия. Полигенный подход как инструмент выявления лиц с повышенным риском осложнений предполагает, что одновременное наличие нескольких генетических вариаций со слабым, но значимым влиянием на процесс гемостаза может влиять на риск серьезных тромботических осложнений и что у пациентов с далеко зашедшим атеротромботическим заболеванием количество протромботических аллелей коррелирует с риском развития инфаркта миокарда.

1.5 Гены биомаркеров липидного обмена, связанных с кардиоваскулярными событиями

В последние десятилетия, в связи с развитием биотехнологии и внедрением молекулярно-генетических методов в клиничко-генетические исследования, научное сообщество приблизилось к более глубокому пониманию механизмов регуляции липидного обмена и генетической природы развития ИБС. Классическими стали исследования, направленные на поиск генетических причин семейной гиперхолестеринемии [63, 64]. С помощью анализа сцепления генов удалось установить моногенный характер отдельных

форм ИБС, развивающихся в результате наследования мутаций в отдельных генах, непосредственно участвующих в регуляции липидного обмена [65-67].

К настоящему времени идентифицировано множество полиморфных вариантов генов, ассоциированных с риском развития полигенных форм ИБС [68]. Наиболее выраженными эффектами в отношении риска развития болезни обладали такие гены, как PCSK9 [69-71], LPA [72], NPC1L1 [73], ST3GAL4 [74], генный кластер APOE-C1-C2-C4 [75], COBLL1, LRP4, STARD3, ABCA1, SCARB1 [76-78], CETP [79, 80], PLTP [81, 82], LCAT. Продукты экспрессии идентифицированных генов не ограничены влияниями на липидный обмен, а вовлечены в разнообразные молекулярные механизмы развития ИБС.

PCSK9 (пропротеиновая конвертаза субтилизин- кексинового типа 9) – ген, кодирующий фермент- гидролазу семейства пропротеиновых конвертаз подсемейства протеиназ К. Белок PCSK9 способен связываться с EGF-А- доменом рецептора ЛПНП и блокировать его активность. Снижение активности рецептора ЛПНП закономерно вызывает снижение метаболизма ЛПНП и гиперхолестеринемию. Уровень активности PCSK9 определяет базальную концентрацию холестерина в крови, делая его одним из важнейших регуляторов липидного гомеостаза [66, р. 832]. Кроме того, ген участвует в регуляции синтеза аполипопротеина В [67, р. 1161]. Уровень PCSK9 в крови в значительной мере зависит для пола и возраста [83]. Ген локализован на хромосоме 1, р32.3, состоит из 12 экзонов, кодирующих гликопротеин, состоящий из 692 аминокислот. Ген PCSK9 – высоко полиморфный. Установлена ассоциация полиморфного варианта rs17111503 гена PCSK9 с развитием атеросклеротических поражений сосудов у китайцев [68, р. 1320; 69, р. 396-10]. Также показано, что носители полиморфного варианта требуют специальной тактики для коррекции уровня холестерина в крови [84].

LPA – липопротеин (а) – ген, кодирующий аполипопротеин а, является основным компонентом соответствующего липопротеина (а). Он состоит из частицы ЛПНП и молекулы аполипопротеина (а), связанной через дисульфидную связь с апо В ЛПНП [85]. Ген расположен на длинном плече 6 хромосомы – 6q25-q26. Установлено, что полиморфный вариант rs1564348 гена LPA оказывает влияние на уровень общего холестерина плазмы по результатам независимых скрининговых исследований, проводимых в трех этнических группах (восточные азиаты, южные азиаты, афроамериканцы) [72, р. 268; 73, р. e9473-1].

CETP (белок-транспортёр эфиров холестерина) представляет собой транспортный белок эфиров холестерина – фермент, ответственный за перераспределение сложных эфиров холестерина и триглицеридов между ЛПОНП, ЛПНП из ЛПВП. Снижение уровня CETP приводит к увеличению количества ЛПВП. Ген CETP расположен на хромосоме 16, q13. Полиморфный вариант rs3764261 ассоциирован с ИБС в исследованиях, проводимых для китайской [79, р. 77-5] и индийской популяций [80, р. e101688-1]. Была выявлена связь данного полиморфизма с ИБС в японской популяции [86, 87]. В латвийской популяции эту взаимосвязь обнаружили I. Radovica с соавт. [88]. У

взрослого населения США ассоциацию rs3764261 с липидным обменом выявили М.Н. Chang с соавт. [89].

PLTP (белок-транспортер фосфолипидов) представляет собой транспортер фосфолипидов – фермент, осуществляющий перераспределение триглицеридов из ЛПОНП, ЛПНП в пользу ЛПВП для последующего транспорта и метаболизма в печени. В плазме белок присутствует в двух изоформах: активной и неактивной. Ген PLTP расположен на хромосоме 20, q13.12. Полиморфный вариант rs6065906 обеспечивает повышение уровня ЛПВП и снижение триглицеридов плазмы [72, р. 269; 81, р. 199], вероятно, за счет биологической плейотропии гена PLTP [82, р. e0118859-1].

Основными метаболическими изменениями, лежащими в основе развития ИБС, являются нарушения липидного обмена или дислипидотеинемии, которые находятся под контролем различных полиморфных вариантов генов. Предрасположенность к подавляющей части форм ИБС обусловлена именно совокупным вкладом множества полиморфных вариантов генов, каждый из которых характеризуется относительно слабым или умеренным эффектом на липидный метаболизм и развитие заболевания. Однако многочисленные исследования, направленные на подтверждение выявленных ассоциаций ИБС с отдельными генами-кандидатами, показали низкую степень воспроизводимости результатов в различных популяциях мира. Так, рядом исследователей выявлены и значительные различия в генетической структуре и вкладе отдельных генов в патогенез ИБС в европейской и азиатской популяциях [90, 91]. Низкая воспроизводимость генетических ассоциаций может объясняться различиями не только в генетической структуре между популяциями, но и влияниями разнообразных средовых факторов риска. В этой связи изучение генетической структуры казахстанских популяций в контексте её влияния на риск развития ИБС открывает широкие возможности для широкомасштабного скрининга генетических маркеров и мониторинга основных маркеров с целью первичной профилактики болезни в Республике Казахстан.

1.6 Гены биомаркеров эндотелия, связанных с сердечно-сосудистыми событиями

Эндотелий принимает самое активное участие в регуляции сосудистого тонуса, вырабатывая различные биологически активные вещества.

Однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs) локуса 9p21.3 ассоциированы с заболеваниями сердечно-сосудистого континуума (артериальная гипертензия, атеросклероз коронарных артерий и сонных артерий (СА), инфаркт миокарда, ишемический инсульт, дислипидемия, ожирение, сахарный диабет 2 типа), а также с патогенетически значимыми для них признаками (уровень артериального давления, индекс массы тела, уровень глюкозы сыворотки крови) [92].

Оксид азота является универсальным регулятором метаболических процессов в различных тканях человека. NO синтезируется из L-аргинина с участием нитрооксидсинтазы, которая имеет три изоформы: две

конститутивные – нейрональная (nNOS, ген NOS1) и эндотелиальная (eNOS, ген NOS3) и одну индуцибельную (iNOS, ген NOS2). Все изоформы NOS осуществляют свое действие при наличии множества ко- факторов, в том числе флавинов, NADPH, тетрагидробиоптерина. Считается, что в регуляции сердечно-сосудистой системы главной является изоформа eNOS, которой отводится ведущая роль в обеспечении постоянного базового уровня NO, необходимого для реализации механизмов локальной эндотелиальной цитопротекции и поддержании сосудистого гомеостаза. Снижение активности этой изоформы приводит к эндогенной недостаточности NO и является одним из ключевых звеньев патогенеза ИБС и цереброваскулярной патологии. Мембраносвязанная форма eNOS локализована в клетках эндотелия кровеносных сосудов [93].

Аллельный полиморфизм генов, вовлеченных в контроль биосинтеза NO, может оказывать влияние на содержание NO и, тем самым, на риск развития сосудистых катастроф [94]. Согласно данным Human Genome Epidemiology (HuGE) Navigator browser (www.hugenavigator.net), гены NOS являются одними из самых изучаемых в связи с проблемой ИБС (ИМ), а также гипертензией и сахарным диабетом.

Результаты мета-анализа ассоциативных исследований по изучению ОНП NOS3 rs1799983 (G894T, Glu298Asp) и rs2070744 (T-786C) свидетельствуют об ассоциации минорных аллелей этих полиморфизмов с риском развития ИБС [95]. Полученные данные согласуются с данными мета-анализа, выполненного ранее J. Casas и соавт. [96]. S. Salimi и соавт. [97] подтвердили ассоциацию ОНП rs2070744 с риском развития ИБС (аллель С является фактором риска) в популяции Ирана. В исследовании A. Levinsson и др. [98] ассоциации 58 однонуклеотидных замен в генах NOS с развитием ИБС и артериальной гипертензии показано, что на развитие ИБС оказывают влияние ОНП в гене NOS1 rs3782218 и rs2682826 и NOS3 rs1549758, а с артериальной гипертензией ассоциированы полиморфные сайты NOS1 rs3782218 и NOS3 rs3918226. В. Brown и др. [99] анализировали связь с ИБС полиморфизмов NOS3 rs1800779 (-A922G) и rs1799983(G894T). Ни для одного из вариантов не был достигнут порог статистической значимости, однако показан пониженный риск развития ИБС и ИМ у лиц старше 50 лет с гаплотипом AT по гену NOS3 (-922A, 894T), который встречается в популяции с частотой 11%.

R. Carreras-Torres и соавт. [100] проанализировали 78 ОНП в генах NOS в 30 популяциях Европы, Северной Африки, Центральной Азии и выявили 4 ОНП, ассоциированных с риском развития ИМ: rs3793342, rs3918188, упомянутый ранее rs17999833 в гене NOS3 и rs3782219 в гене NOS1. Анализ распределения ассоциированного с генами NOS риска продемонстрировал существенную вариабельность риска от носительства неблагоприятных аллелей в зависимости от популяции. Так, показано, что наименьший риск отмечен для жителей юга Европы с постепенным увеличением по направлению к северу и северо-востоку до максимальных значений в Великобритании, Польше и Финляндии. Кроме того, повышенный риск отмечался в Испании, Турции на

Среднем Востоке [101, 102]. Вопрос, с чем преимущественно связаны выявленные межпопуляционные различия, – обусловлены ли они различиями в факторах внешней среды или же в большей степени связаны с тем, что эффект от конкретного локуса может быть модифицирован неучтенными полиморфными вариантами, влияющими на фенотип, – остается открытым.

Большинство ОНП данного локуса сцеплены между собой в протяженный гапоблок, который охватывает кластер генов ингибиторов циклин-зависимых киназ: CDKN2A (кодирует p14/ARF и p16/INK4A) и CDKN2B (кодирует p15/INK4B). Продукты этих генов вовлечены в регуляцию клеточного цикла и пролиферацию клеток [103, 104]. Оба гена, CDKN2A и CDKN2B, считываются с дезоксирибонуклеиновой кислоты (ДНК) в обратном направлении, в то время как в прямом направлении происходит транскрипция гена CDKN2B-AS1, продуктом которого является длинная некодирующая РНК ANRIL (англ. antisense non-coding RNA in the INK4 locus) [104, p. 175].

Показано, что ANRIL является компонентом множества генных путей, вовлеченных в пролиферацию, адгезию, старение и апоптоз клеток – ключевые механизмы атеросклеротического поражения артерий [105, 106]. Имеются данные о том, что SNPs в локусе 9p21.3 обуславливают повышение в клетках сосудов экспрессии ANRIL, которая подавляет CDKN2A/2B, что, в свою очередь, усиливает пролиферацию клеток и способствует развитию атеросклероза [103, p. 216]. Связь полиморфизмов локуса 9p21.3 с атеросклерозом объясняется и наличием в данном регионе «энхансеров дальнего действия», способных изменять функциональную активность генов данного локуса, в т.ч. CDKN2A/2B. Однако детальный механизм связи генетических вариантов с патологическим фенотипом остается неизвестным [104, p. 174].

Несмотря на многочисленные исследования ассоциации полиморфизма гена CDKN2B-AS1 и ИБС, четкого консенсуса достигнуто не было. В 2013 г. Sakalar и соавт. обнаружили, что частота аллеля полиморфизма гена CDKN2B-AS1 у пациентов с инфарктом миокарда была значительно выше, чем у контрольной группы населения Турции [107]. Аналогичным образом, в 2020 г. Hua и соавторы исследовали связь между полиморфизмом гена CDKN2B-AS1 и ИБС в китайской популяции и обнаружили, что аллель G является участком предрасположенности к ИБС [108]. Напротив, в 2007 г. Samani и соавторы сообщили, что частота аллеля G значительно ниже у пациентов с ИБС, чем у контрольной группы в исследовании WTCCC британской популяции [109].

EDN1 представляет собой белок из 212 аминокислот, секретируемый эндотелиальными клетками в виде пептида из 21 аминокислоты [110]. Было продемонстрировано, что обладает выраженным сосудосуживающим действием, а также метаболическими свойствами. Из-за сосудосуживающего действия активности EDN1, генетические исследования EDN1 были в основном сосредоточены на артериальном давлении. Действительно, замена аминокислоты мутация (Lys/Asn) в кодоне 198 (rs5370) в EDN1 была связанная с повышенным артериальным давлением. Еще более загадочным является тот

факт, что эта несинонимичная замена происходит в кодоне 198, в часть белка, расщепляемая различными протеазами и чья функция остается неизвестной [111-113].

Недавние данные свидетельствуют о том, что эндотелин может иметь активная роль в обмене веществ в целом и резистентности к инсулину особенно. EDN1 ингибирует IRS-1, важный медиатор действия инсулина, в гладкомышечных клетках [114] и уменьшает инсулин-стимулируемая транслокация GLUT4, глюкозы транспортер в адипоцитах [115]. Особый интерес представляет один отчет, который показал, что эндотелин может модулировать секрецию адипонектина адипоцитами *in vitro*.

Таким образом, сердечно-сосудистые события вызваны нелинейным взаимодействием многочисленных генетических и других факторов риска. Несовпадение данных различных исследований объясняется тем, что генетический риск ИБС основывается не на эффекте одного гена, а на взаимодействиях между несколькими патофизиологическими путями, контролируемые несколькими генами, и другими факторами риска [115, p. 1397]. Ассоциативные исследования имеют важное ограничение, которое состоит в том, что коронарная ангиография остается золотым стандартом в диагностике ИБС, однако ее использование не позволяет делать прямые выводы об ассоциации факторов риска с доклинической стадией заболевания [115, p. 1398]. Тем не менее, чтобы исключить возможность ошибочной стратификации участников исследования и распределения индивидов с латентной ИБС в контрольную группу, рекомендуется проводить коронарную ангиографию или стресс-тест, что имеет ключевое значение в анализе корреляции генотип–фенотип [41, p. 1410]. Другое ограничение исследований типа «случай–контроль» состоит в том, что в исследование включены только оставшиеся в живых больные ССЗ. Это приводит к недооценке влияния генетической изменчивости на риск ССЗ [115, p. 1398]. Ассоциативные исследования часто не могут исключить возможность того, что тестируемые полиморфизмы/гаплотипы находятся в неравновесном сцеплении с еще неидентифицированным полиморфным сайтом/геном предрасположенности, ответственным за наблюдаемые ассоциации. Указанные проблемы обуславливают необходимость продолжения исследований по изучению комплексных физиологических и молекулярных механизмов, приводящих к развитию ССЗ со сложной этиологией и патогенезом. Подобные направления научного поиска позволят в раннем периоде прогнозировать сердечно-сосудистые осложнения и исход заболевания, а также оптимизировать терапевтический выбор и идентифицировать новые лекарственные мишени.

2 МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЯ.

2.1 Формирование выборки пациентов и общая характеристика пациентов, участвующих в исследовании

Диссертационное исследование выполнено на кафедре внутренних болезней и в Лаборатории коллективного пользования НАО «МУК» с 2019 по 2022 гг. в рамках программно-целевого финансирования МОН РК на 2018-2020 годы на тему: «Персонализированный подход в решении ряда значимых заболеваний» по задаче: «Поиск и оценка основных генетических маркеров устойчивости к антиагрегантной терапии у больных ишемической болезнью сердца среди представителей основной этнической группы Казахстана», регистрационный номер №0118РКО1034. Научное исследование одобрено этическим комитетом НАО «Медицинский университет Караганды» (протокол №32 от 23.12.2019 года). Данное исследование является молекулярно-генетическим исследованием, дизайн исследования: когортное проспективное исследование. Дизайн исследования представлен в рисунке 1.



Рисунок 1 – Дизайн исследования

2.1.1 Объект исследования

Выборка участников исследования формировалась из числа больных, обратившихся за экстренной специализированной медицинской помощью в связи с ОКС, а также практически здоровых лиц.

В рамках исследования соблюдены принципы научной этики, перед включением пациента в группу исследования разъяснена вся информация о предстоящем исследовании, пациенту предоставлен бланк информированного согласия. Пациент включался в исследование только на добровольной основе, т. е. имел право выбора участвовать в исследовании или нет. Перед началом любых процедур все больные дали письменное информированное согласие на участие в исследовании.

Отбор пациентов, включенных в исследование, производился в соответствии критериям включения и критериям исключения в соответствии протоколу диагностики и лечения РК и международным рекомендациям ESC. Критерии включения и исключения представлен в таблице 1.

Таблица 1 – Критерии включения и исключения

Критерии включения	Критерии исключения
<ul style="list-style-type: none">- подписанное пациентом информированное согласие;-возраст старше 18 лет;- ОКС, установленный согласно протоколу диагностики и лечения РК от 2017г;-симптомы ишемии миокарда;- повышение сегмента ST или впервые выявленная блокада левой ножки пучка Гиса;- патологический зубец Q на ЭКГ;- появление нежизнеспособного миокарда или вывление зон гипокинеза или акинеза;- выявление интракоронарного тромбоза при ангиографическом исследовании.- длительность от начала симптомов заболевания 12 часов.-практически здоровые	<ul style="list-style-type: none">- хроническая сердечная недостаточность IIБ, III ст. – ФК III-IV;- хроническая ревматическая болезнь сердца;- острое нарушение мозгового кровообращения;- бронхиальная астма;- хроническая обструктивная болезнь легких 2-3 стадии;- декомпенсированный цирроз печени;- нарушения функции почек;- злокачественные новообразования;- наличие подагры;- отказ от участия в исследовании

В итоге, в соответствии с вышеописанными критериями в исследование включены 254 респондентов, из них 163 были включены в основную группу, пациенты с ишемической болезнью сердца, прошедшие процедуру чрескожного коронарного вмешательства, обеих полов в возрасте старше 18 лет. Клинические обследования проводились в кардиологических, в том числе отделении интервенционной кардиологии при Многопрофильной больнице №1 и Многопрофильной больнице №2 г. Караганды. Молекулярно-генетическая часть исследования проведено в Лаборатории коллективного пользования НАО «Медицинский университет Караганды». Остальные 91 респондентов – практически здоровые, которые включены в контрольную группу. Количество респондентов представлено в рисунке 2.

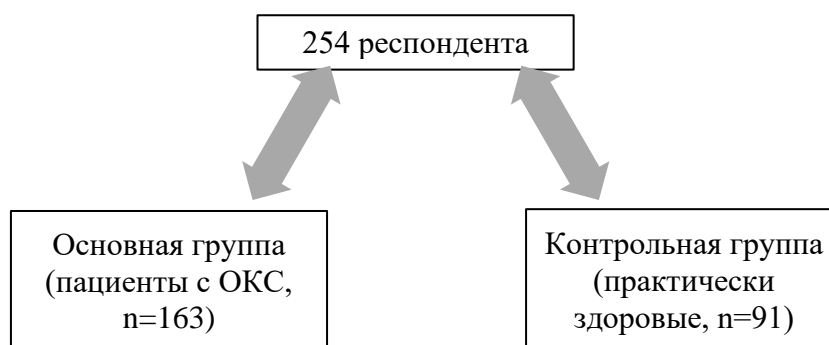


Рисунок 2 – Общее количество респондентов

2.1.2 Клиническая характеристика пациентов

Клиническое обследование больных проводилось по общепринятой методике с заполнением первичной документации, которая включает в себя данные тщательно собранного анамнеза, сведений о сопутствующей патологии и лекарственной терапии, физикального обследования пациентов и лабораторно - инструментального исследования пациентов в соответствии протоколу диагностики и лечения РК от 2017 года. Всем участникам проводилось углубленное лабораторное исследование, который включал общий анализ крови (ОАК), показатели липидограммы (общий холестерин, холестерин ЛПНП, холестерин ЛПВП, триглицериды), показатели коагулограммы (АЧТВ, фибриноген, ПВ, МНО, РФМК). Также проводилось оценка коронарной ангиографии. Средний возраст респондентов в основной группе составил $62,7 \pm 6,19$ лет, в контрольной группе $45,3 \pm 14,4$ лет. Из них мужчин 69% и женщин 31% в основной группе, в контрольной группе 54 и 46% соответственно. Средний возраст мужчин в основной группе - $67,1 \pm 8,9$, в контрольной группе $45,3 \pm 14,8$, и женщин $60,6 \pm 8,6$ в основной группе, в контрольной группе $45,4 \pm 14,0$. Выборка была этнически не однородна: респонденты в основном относились к основной этнической группе, таким образом в основной группе казахи – 72%, русские – 17%, украинцы – 4%, другие национальности (включали немцев, белорус) – 5%, в контрольной группе 77, 11, 9 и 3% соответственно. Таким образом, изучая литературные данные было решено разделить по расе: азиаты(казахи), европоидная раса (русские, украинцы, немцы, белорусы). Все респонденты были представителями казахстанской популяции, проживающие на территории г. Караганды и Карагандинской области.

2.2 Методы исследования

На первом этапе исследования были собраны паспортные и анамнестические данные респондентов. Были собраны данные о модифицируемых и немодифицируемых факторах риска развития сердечно-сосудистых событий. Также, у всех исследуемых фиксировался возраст, пол, этническая принадлежность, данные экспертного анамнеза, антропометрические данные (вес, рост, на основании этого определялся индекс

массы тела (ИМТ)), курения, употребление алкоголя, стиль питания. Карта исследуемого (Приложение В).

Были проанализированы лабораторно-инструментальные данные: общий анализ крови, развернутый с лейкоцитарной формулой; показатели гемостаза: растворимый фибрин-мономерный комплекс, протромбиновое время, протромбиновый индекс, ретракция кровяного сгустка, активированное частичное тромбопластиновое время, рассмотрены данные коронароангиографии.

Наше исследование было проведено в два этапа, так как являлось когортным проспективным исследованием. Всего в исследовании участвовали 163 пациентов, группа контроля – 91 практически здоровых лиц. Остальные по тем или иным причинам были исключены из исследований. На первом этапе все пациенты с острым коронарным синдромом проходили общеклиническое обследование, стандартное лабораторное обследование (ОАК, ОАМ, биохимическое обследование), электрокардиограмма, R-графия грудной клетки, чрескожное коронарное вмешательство, анализ крови на молекулярно-генетические маркеры. Вторым этапом оценивались конечные точки. Конечными точками были новые сердечно-сосудистые события: повторные госпитализации (стенокардии, повторный ИМ), смерть от сердечно-сосудистых причин, повторная реваскуляризация, госпитализация по поводу ХСН, инсульт и некоронарная реваскуляризация с указанием сроков и причин завершения госпитализации, нарушение ритма и т.д. У всех пациентов забиралась кровь для изучения молекулярно-генетических маркеров. Проведенный на последнем этапе статистический анализ и построение регрессионной модели позволили получить достоверные данные и сформулировать обоснованные выводы.

2.2.1 Генетическое исследование для определения полиморфизма генов кардиологического профиля (выделение человеческого ДНК методом высаливания)

Обследование проводилось при добровольном согласии исследуемого. Молекулярно-генетическое исследование было проведено в Лаборатории коллективного пользования НАО «Медицинского университета Караганды».

Материалом исследования являлась венозная кровь пациентов и практически здоровых лиц.

Взятие крови на генетический анализ осуществлялось во время включения участника в исследование. Специальной подготовки к исследованию не требовалось. Кровь для молекулярно-генетических исследований забиралась однократно. В качестве биологического материала использовалась цельная кровь, полученная из локтевой вены исследуемого. Образцы крови были собраны в вакутейнеры Becton Dickinson (BD Vacutainer) 2,7 мл, содержащие этилендиаминтетрауксусную кислоту (ЭДТА) калия производства США. После взятия крови пробирка несколько раз переворачивалась для предотвращения образования сгустков. Затем проводилось выделение ДНК из цельной крови методом высаливания.

Протокола метода высаливания был принят от авторов Миллер, Дюкес и Полески, 1988 г. [116]. Протокол выделения указан ниже.

Протокол выделения ДНК из цельной крови методом высаливания:

1) до начала выделения ДНК методом высаливания необходимо охладить низкоскоростную центрифугу Beckman со скоростью 2500 грм до 4°C в течении 15 мин;

2) изолирование из ядер крови (кровь, собранная в пробирки с ЭДТА или АСД). В 15 мл полипропиленовую центрифужную пробирку вливаем 2,5 мл цельной крови, взятой с ЭДТА добавляем буфер А до верха;

3) центрифугировать со скоростью скоростью 2500 грм до 4°C в течении 15 мин. После проведения осторожно слить супернатант, чтобы на дне или на стенке оставался осадок;

4) ресуспендировать осадок ядер в 2,5 мл буфера Б размешать, добавить 300 μ l 10% SDS и 30 μ l протеиназы К (сток 10 мг/мл) (протеиназу К заранее размораживаем) и несколько раз переворачиваем;

5) оставляем пробирки в термостате на сутки при температуре 37°C;

6) через 24 часа берем пробирки, добавляем 700 μ l насыщенного раствора NaCl в каждую пробирку. Хорошо перемешать в течении 10 мин;

7) центрифугировать пробирки со скоростью 2500 грм в течении 15 мин на низкоскоростной центрифуге Beckman;

8) перенести супернатант в другую 15 мл прополиленовую пробирку (также можно в стеклянную для лучшей видимости ДНК преципитата), оставляя преципитированный осадок белков;

9) добавить 1 мл ХЧ изопропанола (при 2 мл супернатанта) или же строго 0,6 мл (при 1 мл супернатанта) комнатной температуры и перевернуть пробирки несколько раз пока ДНК преципитат не станет видимым;

10) извлечь ДНК с помощью пластикового шпателя или носика пипетки (можно расщепить немножко кончик носика, чтобы лучше наматывалась). Перевернуть чтобы изопропанол стек, подождать 20 -30 минут до некоторого высыхания;

11) перенести в эпиндорфы, содержащие 300 μ l ТЕ буфера;

12) оставить ДНК растворяться 2 часа при 37°C термостате перед измерением концентрации.

Через 2 часа берем эпиндорфы с ДНК перемешиваем в лабораторном вортексе (Vortex), затем измеряем концентрацию и степень очистки выделенной ДНК спектрофотометрически на наноспектофотометре Р 330 (Implen). До дальнейшего использования образцы ДНК хранились при $t=-20^{\circ}\text{C}$.

Средняя концентрация выделенной ДНК составила $70,38 \pm 80,19$, отношение $A_{260}/A_{280}=1,75 \pm 0,16$, отношение $A_{260}/A_{230}=1,79 \pm 1,29$.

2.2.2 Генетическое исследование для определения полиморфизма генов кардиологического профиля (генотипирование)

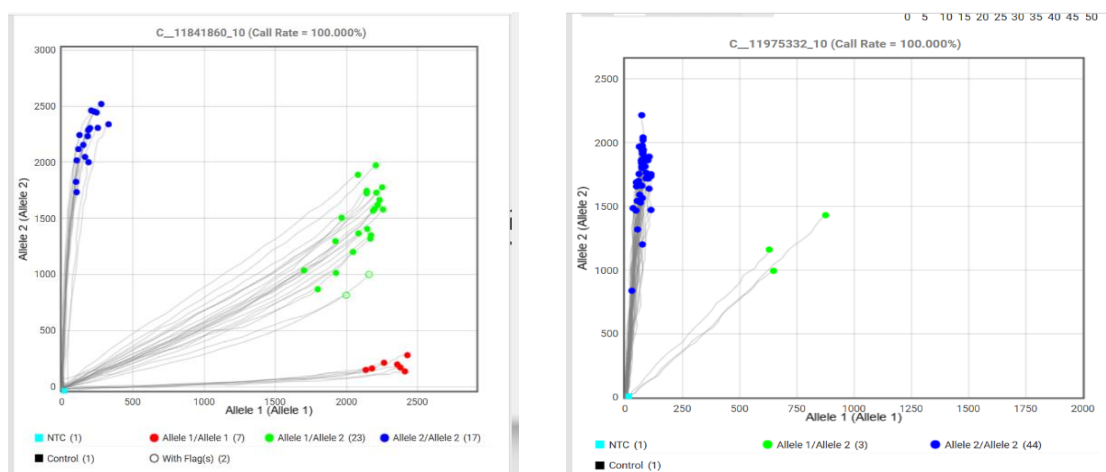
Генотипирование проводилось методом, основанном на полимеразной цепной реакции в режиме Real Time. Метод исследования был выполнен в

соответствии протокола производителя. Подготовка проб проводилась с использованием готовой смеси для ПЦР в режиме реального времени TaqMan® OpenArray® Genotyping Master Mix (Applied Biosystems). Определение полиморфизмов генов осуществлялось с использованием системы QuantStudio™ 12K Flex Real-Time PCR (Applied Biosystems) на планшетах для генотипирования TaqMan® OpenArray® Genotyping Plate, Custom Format 64 QuantStudio™ 12K Flex (Applied Biosystems) с использованием генетического панеля кардиологического профиля (53 полиморфизмов в каждой). Планшеты заполнялись реакционной смесью при помощи автоматизированной станции QuantStudio™ 12K Flex Accufill System (Applied Biosystems).

Подготовка планшетов к ПЦР проводилась с использованием набора QuantStudio™ 12K Flex OpenArray® Accessories Kit (Applied Biosystems), пресса для планшетов OpenArray® Plate Press 2 (Applied Biosystems) и иммерсионного масла QuantStudio™ 12K Flex OpenArray® Immersion Fluid (Applied Biosystems).

Общий объем реакционной смеси составил 6 мкл, в котором 3 мкл 2×OpenArray Real-time master mix и 3 мкл ДНК концентрации 50 нг/мкл. Анализ результатов ПЦР (QuantStudio 12K) проводился в облачном сервисе ThermoFisher (<https://apps.thermofisher.com>). Описания панели (Приложение Г).

Результаты каждой ПЦР реакции были представлены в 2-мерном пространстве с целью визуальной оценки распределение на пулы. В данном облачном сервисе можно было видеть дикий тип аллеля, а также мутационный тип аллеля. Кроме этого, была возможность проводить коррекции по распределению генотипирования аллелей. Результаты распределения генотипирования аллелей представлены на рисунках 3, 4, 5, 6.

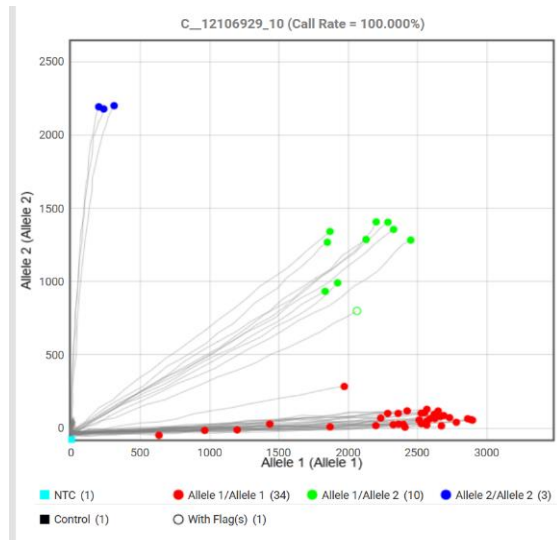


а

б

а – распределение результатов генотипирования rs8055236; б – распределение результатов генотипирования rs5361

Рисунок 3 – Распределение результатов генотипирования, лист 1



В

в – распределение результатов генотипирования rs8055236

Рисунок 3, лист 2

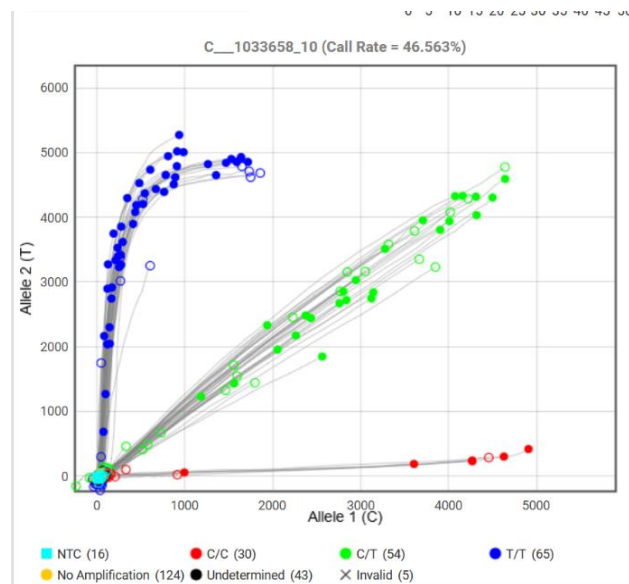


Рисунок 4 – Некачественно проведенное генотипирование

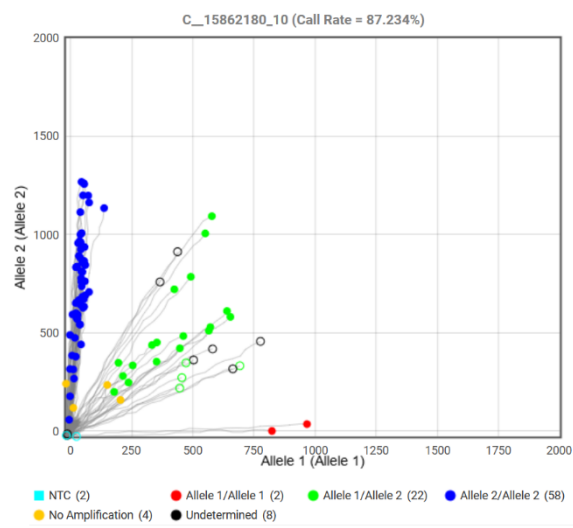


Рисунок 5 – Генотипирование до ручного высчитывания аллелей

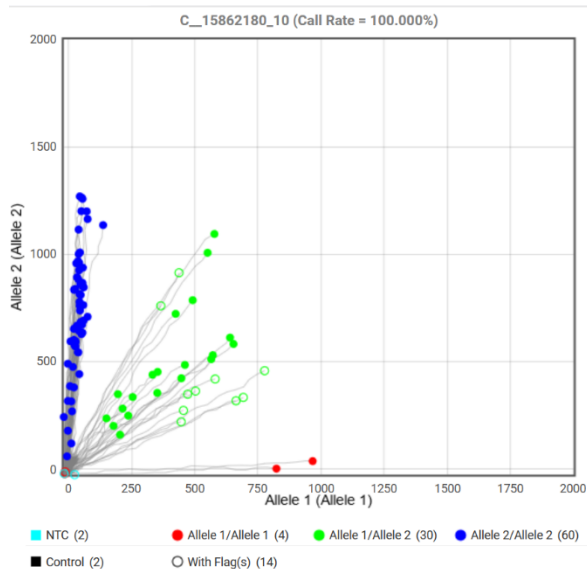


Рисунок 6 – Генотипирование после ручного высчитывания аллелей

После автоматической аннотации и визуального контроля, для каждой пробы (пациента) были определены генотипы, что также можно редактировать и загрузить результаты в MS Excell для дальнейшей статистической обработки данных.

2.3 Методы статистического анализа результатов исследования

Статистическая обработка полученных данных осуществлялась с помощью пакета программ SPSS.

Характер распределения на нормальность количественных данных оценивался по критерию Колмогорова-Смирнова, так как количество наблюдений составляло более 50. (основная группа – 163, контрольная группа - 91 соответственно). Количество наблюдений в группах и общее количество

участников рассчитывалось в статистическом программном обеспечении Epi Info™.

Так как, у нас 2 группы, тип распределения данных определялся для каждой группы. При нормальном распределении количественных данных для описания использовались среднее значение (M) и стандартное отклонение (SD). При ненормальном распределении количественные данные описывались на основании медианы (Me) и верхнего и нижнего квартилей (Q₂₅, Q₇₅).

Для описания качественных данных рассчитывалась доля лиц, с интересующим признаком и 95% доверительным интервалом доли, рассчитанного по методу χ^2 Пирсона.

U-критерий Манна-Уитни использовался для сравнения двух независимых выборок по количественному признаку. Логистический регрессионный анализ проводился с целью определения прогностической значимости неблагоприятных кардиоваскулярных событий.

Статистический анализ данных генотипирования проводился в программе SNPStat.

Для каждого полиморфизма, включённого в панель генотипирования были определены мажорные и минорные аллели, показатель частоты минорного аллеля (MAF –minor allele frequency), относительные величины для аллелей и генотипов, а также показатель значения p при расчете закона Харди-Вайнберга (HWE - Hardy–Weinberg equilibrium).

Оценка ассоциации генетических полиморфизмов с заболеванием/состоянием проводилась в соответствии с дизайном случай-контроль на основе обобщенной линейной модели (GLM - generalized linear model) предполагая основные модели (рецессивная, доминантная и лог-аддитивная).

2.4 Этическое одобрение

Этическое одобрение исследования было получено от этического комитета НАО “Медицинский университет Караганды” (протокол №32 от 23.12.2019 года).

В рамках исследования были соблюдены принципы научной этики. Все участники исследования были информированы о целях исследования и подписывали письменное информированное согласие. Пациент имел право выбора участвовать в исследовании или нет, включался в исследование только на добровольной основе. Все данные об участниках были введены в базу, идентификаторы каждого из участников были закодированы. Вся информация, полученная в ходе исследования, использована только в научных целях и является строго конфиденциальной.

3 РЕЗУЛЬТАТЫ СОБСТВЕННЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ

3.1 Оценка клинико-лабораторных характеристик риска развития новых сердечно-сосудистых событий у больных с ИБС после чрескожного коронарного вмешательства

Характер распределения на нормальность количественных данных оценивался по критерию Колмогорова-Смирнова, так как количество наблюдений составляло более 50 (основная группа – 163, контрольная группа - 91 соответственно). Проведенный статистический анализ в основной и контрольной группах представлен в таблицах 2, 3, 4.

Таблица 2 – Одновыборочный критерий Колмогорова-Смирнова по количественным переменным в основной группе

Статистические характеристики	Возраст	Окружность живота	Индекс курьщика	САД	ДАД	Холестерин ммоль/л	ЛПВП	ЛПНП	Триглицериды
М	62,69	100,7	9,012	133,9	82,84	4,640	1,174	1,868	1,437
SD	9,198	17,06	15,59	25,61	11,69	1,367	0,643	1,157	0,707
Статистика критерия	0,100	0,104	0,344	0,144	0,196	0,074	0,175	0,160	0,145
<i>p</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,029	0,000	0,000	0,000

Таблица 3 – Одновыборочный критерий Колмогорова-Смирнова по количественным переменным в основной группе

Статистические характеристики	Эритроциты	Тромбоциты	Гемоглобин	Лейкоциты	СОЭ	АЧТВ	Фибриноген	ПТИ	ПВ	РФМК	МНО
М	4,662	250,1	137,4	8,82	13,80	35,06	3,13	91,21	16,57	3,060	1,155
SD	0,492	64,34	22,81	3,062	10,19	10,16	1,244	13,93	6,300	3,402	0,518
Статистика критерия	0,100	0,075	0,089	0,132	0,139	0,200	0,112	0,191	0,264	0,213	0,301
<i>p</i>	,000	,026	,003	,000	,000	,000	,000	,000	,000	,000	,000

Все количественные переменные в основной группе распределены ненормально, соответственно применяем непараметрические критерии.

В таблице 4 представлен одновыборочный критерий Колмогорова-Смирнова в контрольной группе.

Таблица 4 – Одновыборочный критерий Колмогорова-Смирнова по количественным переменным в контрольной группе

Статистические характеристики	Возраст	Окружность живота	Вес	Индекс курильщика
M	45,396	89,626	73,049	4,1566
SD	14,4229	14,8006	13,1517	9,69369
Статистика критерия	0,126	0,127	0,079	0,435
<i>p</i>	0,001	0,001	0,2	0,000

По данным таблицы 4, количественные переменные в контрольной группе (возраст, окружность живота, индекс курильщика) распределены ненормально, а переменная вес имеет нормальное распределение.

Учитывая, что наша выборка в основной группе имела ненормальное распределение, количественные данные описывались на основании медианы (Me) и верхнего и нижнего квартилей (Q_{25} , Q_{75}). Описание количественных в основной группе представлены в таблице 5.

Таблица 5 – Описание количественных данных в основной группе (Me, Q_{25} Q_{75})

Количественные данные	Me	Q_{25}	Q_{75}
Возраст	62	57	68
Окружность живота	98	88	114
Индекс курильщика	0	0	17
САД	130	120	150
ДАД	80	80	90
Холестерин	4,5	3,5	5,6
ЛПВП	1,025	0,8	1,37
ЛПНП	1,425	1,015	2,33
Триглицериды	1,27	0,93	1,85
Эритроциты	4,7	4,3	5,0
Тромбоциты	240	203	290
Гемоглобин	139	124	149
Лейкоциты	8,4	6,7	10,6
СОЭ	11	6	18
АЧТВ	33	30	37
Фибриноген	2,9	2,1	3,8
ПТИ	94	85	99
ПВ	16	15	18
РФМК	3	0	4
МНО	1,1	1,0	1,18

На основании таблицы 5 было выявлено, что возраст половины (Me) больных составил 62 года, однако четверть примерно 57 лет, другая четверть более 68 лет. Окружность живота у всех больных был больше 80 см (относительно международных нормативов), что повышает кардиоваскулярный риск. САД у четверти больных (Q_{75}) был больше 150 мм.рт.ст. Кроме того, наблюдалась также гиперхолестеринемия (Q_{75}).

Количественные переменные в контрольной группе (возраст, окружность живота, индекс курильщика) распределены ненормально, в этой связи применены непараметрические критерии. Относительно переменной по массе тела определялось нормальное распределение, что позволило применять параметрические критерии. Следовательно, в таблице 6 представлены описание количественных данных в контрольной группе.

Таблица 6 – Описание количественных данных в контрольной группе (Me, Q₂₅, Q₇₅)

Количественные данные	Me	Q ₂₅	Q ₇₅
Возраст	46	34	55
Окружность живота	88	81	100
Индекс курильщика	0	0	0

На основании таблицы 6 было выявлено, что возраст у половины больных составил 46 лет, хотя у четверти обследованных составил около 34 года, тогда как другая четверть - более 55 лет. Окружность у всех больных был больше 80 см (относительно международных (международных) нормативов), что также повышает кардиоваскулярный риск. Категория массы тела имело нормальное распределение, среднее значение (M) соответствовало 73,04 кг. Стандартное отклонение (SD) -13,15 кг. В таблице 7 представлены Анамнестические данные основной и контрольной группы.

Таблица 7 – Анамнестические данные основной и контрольной группы

Показатели	Основная группа (n=163)	Контрольная группа (n=91)
1	2	3
<i>Национальность</i>		
1-азиаты	119 (73%)	71 (76,9%)
2 -европоиды	44 (27%)	20 (23,1%)
<i>Пол</i>		
Мужчины	112 (68,7%)	49 (53,8%)
Женщины	51 (31,3%)	42 (46,2%)
<i>ИМТ</i>		
Нормальное ИМТ	58 (35,6%)	44 (48,4%)
Избыточный вес	66 (40,5%)	35 (38,5%)
Ожирение 1 степени	23 (14,1%)	10 (11%)
Ожирение 2 степени	14 (8,6%)	2 (2,2%)
Ожирение 3 степени (классификация ожирения по ИМТ по данным европейских исследований)	2 (1,2%)	0
<i>Курение</i>		
0-нет	100 (61,3%)	72 (79,1%)
1-да	63 (38,7%)	19 (20,9%)
<i>Алкоголь</i>		
0-нет	113 (69,3%)	82 (90,1%)
1-да	50 (30,7%)	9 (9,9%)

Продолжение таблицы 7

1	2	3
<i>Употребление животного жира</i>		
0-Нет	15 (9,2%)	2 (2,2%)
1-Да	148 (90,8%)	89 (97,8)
<i>Предрасположенность к ИБС</i>		
0-Нет	98 (60,1%)	70 (76,9%)
1-Да	65 (39,9%)	21 (23,1%)

По данным таблицы 7 в обеих группах преобладали азиаты, 73% в основной группе и 76,9% в контрольной группе. Также в обеих группах было больше мужчин, чем женщин: 68,7 и 53,8% соответственно. Респонденты с избыточной массой тела преобладали в основной группе, в контрольной группе было больше людей с нормальным ИМТ. При этом в контрольной группе были пациенты как с избыточной массой тела, так и ожирением 1 и 2 степени. В соответствии Европейской классификацией ожирения в основной группе были представлены все 3 степени ожирения. По вредным привычкам, курили больше в основной группе, чем в контрольной группе. По употреблению жиров животного происхождения максимальный процент отмечался в обеих группах.

На основании анамнестических данных проводилась сравнительная характеристика общеклинических данных и лабораторных показателей в зависимости от пола в основной группе, что представлена в таблице 8.

Таблица 8 – Общеклинические и лабораторные показатели основной группы в зависимости от пола

Показатели	Мужчины (n=112)	Женщины (n=51)	p
1	2	3	4
Национальность			
казахи	84(75%)	35(68,6%)	-
русские	17(15,2%)	12(23,5%)	-
украинцы	4(3,6%)	2(3,9%)	-
другие	7(6,3%)	2(3,9%)	-
азиаты	84(75%)	35(68,6%)	
европейцы	28(25%)	16(31,4%)	
ИМТ (классификация ожирения по ИМТ по данным европейских исследований)			
Нормальное ИМТ	39(34,8%)	19(37,3%)	-
Избыточный вес	50(44,6%)	16(31,4%)	-
Ожирение 1 степени	16(14,3%)	7 (13,7 %)	-
Ожирение 2 степени	5(4,5%)	9(17,6%)	-
Ожирение 3 степени	2(1,8%)	0	-
Курение			
0-нет	59(52,7%)	41(80,4%)	-
1-да	53(47,31%)	10(19,6%)	-
Алкоголь			
0-нет	70(62,5%)	43(84,3%)	-

Продолжение таблицы 8

1	2	3	4
1-да	42(37,5%)	8(15,7%)	-
Употребление животного жира			
0-Нет	10(8,9 %)	5(9,8%)	-
1-Да	102(91,1 %)	46(90,2%)	-
Предрасположенность к ИБС			
0-Нет	69(61,6 %)	29(56,9%)	-
1-Да	43(38,4 %)	22(43,1%)	-
Стенокардия напряжения			
0 – нет	28(25%)	12(23,5%)	-
ФК1-1	46(41,1%)	19(37,3%)	-
ФК2-2	29(25,9%)	13,5(25,5%)	-
ФК3-3	8(7,1%)	5(9,8%)	-
ФК4-4	1(9%)	2(3,9%)	-
Артериальная гипертензия			
0– нет	26(23,2 %)	2(3,9%)	-
1 степени	13(11,6 %)	7(13,7%)	-
2 степени	28(25 %)	13(25,5%)	-
3 степени	45(40,2 %)	29(56,9%)	-
ХСН			
0 – нет	17(15,2 %)	5(9,8%)	-
ФК1-1	60(53,6 %)	31(60,8%)	-
ФК2-2	23(20,5 %)	15(29,4%)	-
ФК3-3	12(10,7%)	0	-
ФК4-4	0	0	-
Нарушение ритма			
0 – нет	92(82,1%)	41(80,4%)	-
1 – да	20(17,9%)	10(19,6%)	-
Сахарный диабет			
0 – нет	89(79,5%)	33(64,7%)	-
1 – да	23(20,5%)	18(35,3%)	-
Язвенная болезнь			
0 – нет	104(92,9%)	48(94,1%)	-
1 – да	8(7,1%)	3(5,9%)	-
ПИМ			
0 – нет	29(25,9%)	19(37,3%)	-
1 – да	83(74,1%)	32(62,7%)	-
Поражение коронарного русла			
0– нет	0	3(5,9%)	-
1-однососудистое	37(33%)	15(29,4%)	-
2-двухсосудистое	29(25,9%)	15(29,4%)	-
3-трехсосудистое	46(41,1%)	18(35,3%)	-
RCA			
0 – нет	42(37,5%)	19(37,3%)	-
1 – да	70(62,5%)	32(62,7%)	-
PDA			

Продолжение таблицы 8

1	2	3	4
0 – нет	86(76,8%)	44(86,3%)	-
1 – да	26(23,2%)	7(13,7%)	-
LCA			
0 – нет	95(84,8%)	48(94,1%)	-
1 – да	17(15,2%)	3(5,9%)	-
LAD			
0 – нет	26(23,2%)	11(21,6%)	-
1 – да	86(76,8%)	40(78,4%)	-
CX			
0 – нет	51(45,5%)	21(41,2%)	-
1 – да	61(54,5%)	30(58,8%)	-
OM			
0 – нет	77(68,8%)	32(62,7%)	-
1 – да	35(31,3%)	19(37,3%)	-
Тип ЧКВ (стентирование)			
0 – нет	44(39,3%)	25(49%)	-
1 – да	6 (60,7%)	26(51%)	-
АКШ			
0 – нет	76(67,9%)	30(70,6%)	-
1 – да	36(32,1%)	15(29,4%)	-
Тип ЧКВ (баллонная ангиопластика)			
0 – нет	101(90,2%)	44(86,3%)	-
1 – да	11(9,8%)	7(13,7%)	-
Осложнения и исход			
0-нет	75(67%)	33(64,7%)	-
1. Рецидив ИМ, рестеноз коронарных артерий, ранняя постинфарктная стенокардия	15(13,4%)	1(13,7%)	-
2. Жизнеугрожающие нарушение ритма	1(0,9%)	2(2%)	-
3. Общая смертность	9(8 %)	(5,9%)	-
4. ОСН и декомпенсация ХСН	9(8 %)	4(7,8%)	-
5. ОНМК или ТИА	3(2,7 %)	3(5,9%)	-
Осложнения есть	37(33%)	18(35,3%)	-
Осложнений нет	75(67%)	33(64,7)	-
ранние осложнения (≥ 3 мес)	15(68,2%)	7(31,8%)	-
поздние осложнения (≤ 3 мес)	22(66,7%)	11(33,3%)	-
Возраст $Me (Q_{25}, Q_{75})$	60(54,25;65)	66(59;76)	0,000*
Окружность живота $Me (Q_{25}, Q_{75})$	98(88;115)	98(88;113)	0,837
Индекс курильщика $Me (Q_{25}, Q_{75})$	0(0;20)	0	0,005*
САД $Me (Q_{25}, Q_{75})$	130(112,5;150)	130(120;160)	0,074
ДАД $Me (Q_{25}, Q_{75})$	80(80;90)	90(80;90)	0,104
Холестерин $Me (Q_{25}, Q_{75})$	4,445(3,3;5,5)	4,8(3,8;5,8)	0,036
ЛПВП $Me (Q_{25}, Q_{75})$	1,06(0,8;1,4)	1,0(0,9;1,3)	0,801
ЛПНП $Me (Q_{25}, Q_{75})$	1,3(1,02;2,3)	2,0(0,98;2,7)	0,471
Триглицериды $Me (Q_{25}, Q_{75})$	1,2(0,9;1,8)	1,41(1,0;2,0)	0,083

Продолжение таблицы 8

1	2	3	4
Эритроциты <i>Me (Q₂₅, Q₇₅)</i>	4,8(4,52;5,1)	4,41(4,2;4,7)	
Тромбоциты <i>Me (Q₂₅, Q₇₅)</i>	230(196;284,5)	265(216;295)	0,081
Гемоглобин <i>Me (Q₂₅, Q₇₅)</i>	143,5(132;153)	132(121;138)	
Лейкоциты <i>Me (Q₂₅, Q₇₅)</i>	8,5(6,7;11,47)	7,8(6,5;9,0)	0,103
СОЭ <i>Me (Q₂₅, Q₇₅)</i>	10(5,0;18,0)	14(8,0;20,0)	
АЧТВ <i>Me (Q₂₅, Q₇₅)</i>	33(30;36,75)	32(31;38)	0,509
Фибриноген <i>Me (Q₂₅, Q₇₅)</i>	2,85(2,0;3,775)	3,02(2,3;3,8)	0,244
ПТИ <i>Me (Q₂₅, Q₇₅)</i>	91,5(85;98)	95(86;100)	0,145
ПВ <i>Me (Q₂₅, Q₇₅)</i>	16(15,25;18)	16(15;18)	0,883
РФМК <i>Me (Q₂₅, Q₇₅)</i>	3(0;3,875)	3(0;4)	0,267
МНО <i>Me (Q₂₅, Q₇₅)</i>	1,10(1,0;1,195)	1,05 (1,0;1,16)	0,412
* – Статистически значимые различия по непараметрическому критерию Манна-Уитни для сравнения двух независимых выборок по количественному признаку			

На основании таблицы 8 можно утверждать, что респонденты в основной группе по этническому признаку были не однородны: мужчин казахов было больше половины, чем женщин; при этом другие этнические группы существенно не отличались по половому признаку.

Таким образом, учитывая литературные данные по генетическим полиморфизмам в зависимости от этнической принадлежности обследуемые были разделены по расовому признаку: азиаты(казахи), европоидная раса (русские, украинцы, немцы, белорусы). Больше 50% мужчин было с избыточной массой тела, тогда как у среди в женщин отмечалось как нормальное ИМТ, так и избыточная масса тела. У мужчин и у женщин в основной группе наблюдается употребление животного жира в максимальных цифрах: соответственно 91,1 и 90,2%.

По данным коронарной ангиографии было обнаружено, что среди мужчин и женщин наблюдается трехсосудистое поражение коронарного русла: 41,1 и 35,3% соответственно. Преимущественно отмечается поражение LAD у обоих полов, в связи с чем стентирование коронарных артерий проводилось как у мужчин, так и у женщин. У 55 больных отмечались осложнения (рецидив ИМ, рестеноз коронарных артерий, ранняя постинфарктная стенокардия, жизнеугрожающие нарушение ритма, общая смертность, ОСН и декомпенсация ХСН, ОНМК или ТИА), причем преимущественно у мужчин (33%). Наиболее частым осложнением у обоих полов являлся рецидив ИМ, рестеноз коронарных артерий, ранняя постинфарктная стенокардия, что относилось в основном к ранним кардиоваскулярным осложнениям. Также осложнения были рассматривались по критерию: ранние осложнения (≥ 3 мес.) и поздние осложнения (≤ 3 мес.). Как ранние, так и поздние осложнения преобладали у мужчин, в обеих случаях больше 50%. Статистически значимыми отличиями между полами были возраст ($p=0,000$) и индекс курильщика ($p=0,005$). Лабораторные показатели между полами статистически значимые различия не были выявлены.

Для описания качественных данных рассчитывалась доля лиц, с интересующим признаком и 95% доверительным интервалом доли, рассчитанного по методу χ^2 Пирсона. Описание качественных данных представлены в таблице 9.

Таблица 9 – Качественные признаки в основной группе, рассчитанные по методу χ^2 Пирсона

Предикторы	OR	p
Курение	0,008	0,93
СН ФК 1, 2, 3, 4	8,16	0,086
АГ 1, 2, 3 степени	11,29	0,010
ХСН ФК 1, 2, 3	22,94	0,000
Нарушение ритма	4,34	0,037
СД	5,54	0,019
ПИМ	6,11	0,013
Поражение коронарного русла	7,48	0,058

Как следует из таблицы 9, статистически значимыми были следующие показатели: артериальная гипертензия 1, 2, 3 степени, ХСН ФК 1, 2, 3, нарушения ритма, наличие сахарного диабета в анамнезе, ПИМ ($p \leq 0,05$).

С целью определения прогностической роли клинико-лабораторных характеристик в развитии осложнений и исходов кардиоваскулярных событий был проведен логистический регрессионный анализ, результаты которого представлены в таблице 10.

Таблица 10 – Регрессионный анализ риска развития кардиоваскулярных событий (зависимая переменная исход есть, исход нет)

Переменные	cOR (95% CI)	p	aOR* (95% CI)	p
Возраст	1,052 (1,014-1,091)	0,007	1,072 (1,027-1,12)	0,001
Пол	0,904 (0,45-1,82)	0,77	1,35 (0,56-3,27)	0,501
Курение	0,97 (0,49-1,89)	0,227	1,038 (0,49-2,22)	0,923
ИМТ, кг/м ²	3,8 (1,13-13,05)	0,032	12,57 (2,36-66,89)	0,003
Избыточный вес	2,37 (1,043-5,238)	0,039	3,853 (1,198-12,391)	0,024
Ожирение 1 степени	2,949 (1,041-8,349)	0,042	12,603 (2,042-77,792)	0,006
Ожирение 2 степени	3,833 (1,126-13,052)	0,032	7,998 (1,165-54,905)	0,034
ХСН ФК 1	3,770 (0,816-17,424)	0,089	8,980 (1,169-69,017)	0,035
ХСН ФК 2	7,273 (1,483-35,657)	0,014	24,84 (2,884-214,058)	0,003
Нарушение ритма	2,325 (1,039-5,205)	0,040	3,206 (1,104-9,307)	0,032
Объем талии, см	1,009 (0,99-1,028)	0,37	0,98 (0,95-1,008)	0,163
САД, мм.рт.ст	0,99 (0,97-1,005)	0,203	0,99 (0,96-1,02)	0,655
ДАД, мм.рт.ст	0,98 (0,95-1,01)	0,23	1,00 (0,94-1,06)	0,982
Холестерин, ммоль/л	0,92 (0,71-1,17)	0,47	0,86 (0,66-1,14)	0,298
ЛПНП	1,304 (0,812-2,095)	0,273	1,358 (1,001-1,843)	0,049

По данным таблицы 10 было выявлено, что по критерию ОШ больше 1, такие факторы как возраст ($p=0,001$), ИМТ ($p=0,003$), избыточный вес, ожирение

1-2 степени, ХСН ФК1(p=0,035), ХСН ФК 2 (p=0,003), нарушение ритма (p=0,032), ЛПНП(p=0,049) были статистически значимы.

Таким образом, у пациентов старшего возраста (ОШ= 1,072, 95% ДИ (1,027: 1,12), а также с исходным избыточным весом, ожирением 1-2 степени, риск (ОШ) возникновения неблагоприятных событий после ЧКВ возрастает : соответственно в 3,853 раз - 95% ДИ (1,198:12,391), 12,603 раз - 95% ДИ (2,042:77,792), 7,998 раз – 95% ДИ (1,165-54,905). Кроме этого, при наличии ХСН ФК 1-2 и при нарушении ритма риск возрастает соответственно: на 8,980 раз - 95% ДИ (1,169:69,017), 24,844 раза - 95% ДИ (2,884:214,058), и 3,206 раза - 95% ДИ (1,104:9,307). Из лабораторных методов было выявлено, что при высоком ЛПНП риск развития сердечно-сосудистых событий возрастает на 1,358 раза 95% ДИ (1,001:1,843).

3.2 Роль полиморфизмов генов в риске развития новых сердечно-сосудистых событий у больных с ИБС после чрескожного коронарного вмешательства в зависимости от этнической принадлежности пациентов и патогенетических факторов развития заболевания

По литературным данным, мы выбрали 53 SNPs, которые были ассоциированы с ИБС. Для проведения анализа разделили по преобладающим механизмам действия (данные представлены в таблицах 11, 12, 13, 14).

Таблица 11 – Гены биомаркеров воспаления и иммунного ответа, связанных с риском развития сердечно-сосудистых событий

rs	Название гена
rs1234313	TNFSF4
rs2243250	IL4
rs3850641	TNFSF4
rs4986790	TLR4
rs17576	LOC100128028; MMP9
rs3184504	SH2B3; ATXN2
rs3782886	BRAP
rs1234315	TNFSF4
rs17228212	SMAD3
rs788016	HSPD1
rs2340690	HSPE1; HSPE1-MOB4;HSPD1
rs6725887	ICA1L; WDR12

Таблица 12 – Гены биомаркеров системы гемостаза, связанных с риском развития сердечно-сосудистых событий

rs	Название гена
rs1799963	CKAP5; F2
rs6025	F5
rs1800787	FGB
rs1799983	CKAP5; F2
rs2306374	MRAS
rs5918	ITGB3
rs1746048	
rs688034	SEZ6L
rs5361	SELE
rs6922269	MTHFD1L

Таблица 13 – Гены биомаркеров липидного обмена, связанных с сердечно-сосудистыми событиями

rs	Название гена
rs183130	CETP
rs1800588	LIPC
rs3843763	PLTP
rs268	LPL
rs326	LPL
rs17465637	MIA3
rs2229616	MC4R
rs501120	
rs2230500	PRKCH
rs2516839	USF1; ARHGAP30; TSTD1
rs2943634	
rs599839	CELSR2; PSRC1
rs5443	LEPREL2; GNB3; CDCA3; USP5
rs1042714	ADRB2
rs8055236	CDH13
rs2774279	USF1; ARHGAP30; TSTD1
rs2073658	USF1; ARHGAP30; TSTD1
rs11206510	PCSK9

Таблица 14 – Гены биомаркеров эндотелия, связанных с сердечно-сосудистыми событиями

rs	Название гена
1	2
rs383830	
rs5370	EDN1
rs1800779	NOS3
rs1800783	NOS3
rs1051730	NOS3
rs2383206	CDKN2B-AS1

Продолжение таблицы 14

1	2
rs10757278	CDKN2B-AS1
rs10116277	CDKN2B-AS1
rs1333049	CDKN2B-AS1
rs2383207	CDKN2B-AS1
rs3803	DNAJB8-AS1;GATA2
rs2713604	DNAJB8-AS1;GATA2
rs9536314	KL

На основании таблиц 11, 12, 13,14 были представлены гены биомаркеров воспаления и иммунного ответа, связанных с риском развития сердечно-сосудистых событий в количестве 12 генов; гены биомаркеров системы гемостаза, связанных с риском развития сердечно-сосудистых событий в количестве 10 генов; гены биомаркеров липидного обмена, связанных с сердечно-сосудистыми событиями в количестве 19 генов; гены биомаркеров эндотелия, связанных с сердечно-сосудистыми событиями в количестве 13 генов. В общей сложности были определены 53 генов связанных с развитием сердечно-сосудистых событий.

3.2.1 Гены биомаркеров воспаления и иммунного ответа, связанных с риском развития сердечно-сосудистых событий

SNP: rs1234313

Процент генотипированных образцов: 225/254 (88.58%). Частота аллелей rs1234313 представлены в таблице 15.

Таблица 15 – Частота аллеля rs1234313 (n=225)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
G	259	0.58	96	0.64	163	0.54
A	191	0.42	54	0.36	137	0.46

По данным таблицы 15, 225 образцов из 254 образца rs 1234313 были генотипированы, что составило 88,58%. Частота аллеля G составила 58%, 259 аллелей, из них в основной группе 54%, 163 аллелей, в контрольной группе 64%, 96 аллелей следовательно. Аллелей A было в общем 42%, то есть 191 аллелей, в основной 46%, 137 аллелей и в контрольной группе 36%, 54 аллелей. Частота генотипов rs1234313 представлены в таблице 16.

На основании таблицы 16, частота генотипа rs 1234313 по гомозиготному типу соответствовал (A/A) 18% в общем, то есть 41 генотипов, из них в основной группе 16%, 24 генотипа, в контрольной группе 23%, 17 генотипов. По гетерозиготному типу (G/A) составил 48%, 109 генотипов, из них в основной группе 59%, 89 генотипов, а в контрольной группе 27% 20 генотипов. Гомозиготный генотип (G/G) соответствовал 33%, соответственно 75

генотипов, из них в основной группе 25%, 37 генотипов, а в контрольной группе 51%, 38 генотипов соответственно. В таблице 17 представлен точный тест для равновесия Харди-Вайнберга rs1234313.

Таблица 16 – Частота генотипа rs1234313 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A/A	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
G/A	41	0.18	17	0.23	24	0.16
G/G	109	0.48	20	0.27	89	0.59
NA	75	0.33	38	0.51	37	0.25

Таблица 17 – rs1234313 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=225)

Генотип	G/G	G/A	A/A	G	A	P-value
Обе группы	75	109	41	259	191	0.89
Контрольная группа	38	20	17	96	54	0.000
Основная группа	37	89	24	163	137	0.022

На основании таблицы 17, по точному тесту генотипы и аллели rs 1234313 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Однако в группах по отдельности не соответствовал. Ассоциация rs1234313 с моделями представлен в таблице 18.

Таблица 18 – Ассоциация rs1234313 с моделями (n=225)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	G/G	38 (50.7%)	37 (24.7%)	1.00	<0.0001
	A/G	20 (26.7%)	89 (59.3%)	4.57 (2.35-8.87)	
	A/A	17 (22.7%)	24 (16%)	1.45 (0.67-3.13)	
Доминантный	G/G	38 (50.7%)	37 (24.7%)	1.00	<0.0001
	A/G-A/A	37 (49.3%)	113 (75.3%)	3.14 (1.75-5.63)	
Рецессивный	G/G-A/G	58 (77.3%)	126 (84%)	1.00	0.23
	A/A	17 (22.7%)	24 (16%)	0.65 (0.32-1.30)	
Сверхдоминантный	G/G-A/A	55 (73.3%)	61 (40.7%)	1.00	<0.0001
	A/G	20 (26.7%)	89 (59.3%)	4.01 (2.19-7.36)	
Лог-аддитивный	---	---	---	1.49 (0.99-2.24)	0.05

По данным таблицы 18, Rs 1234313 ассоциированы со следующими моделями наследования: кодоминантный (A/G, ОШ=4.57 (2.35-8.87), $p < 0.0001$), доминантный (A/G-A/A, ОШ=3.14 (1.75-5.63), $p < 0.0001$), сверхдоминантный (A/G, ОШ=4.01 (2.19-7.36), $p < 0.0001$), учитывая что при данных моделях ОШ более 1, риск развития сердечно-сосудистых событий увеличивается на 4,57 раз, 3,14 раз и 4,01 раз соответственно.

SNP: rs2243250

Процент генотипированных образцов: 239/254 (94.09%). В таблице 19 представлена частота аллелей rs2243250.

Таблица 19 – Частота аллеля rs2243250 (n=239)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C	257	0.54	75	0.46	182	0.58
T	221	0.46	87	0.54	134	0.42

По таблице 19 можно понять, что 239 образцов из 254 образца rs 2243250 были генотипированы, что составило 94,09%. Частота аллеля C составило 54%, 257 аллелей, из них в основной группе 58%, 182 аллелей, в контрольной группе также 46%, 75 аллелей следовательно. Аллелей T было в общем 46%, то есть 221 аллелей, в основной 42%, 134 аллелей и в контрольной группе 54%, 87 аллелей. В таблице 20 представлена частота генотипов rs2243250.

Таблица 20 – Частота генотипа rs2243250 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C/C	76	0.32	19	0.23	57	0.36
C/T	105	0.44	37	0.46	68	0.43
T/T	58	0.24	25	0.31	33	0.21
NA	15	---	10	---	5	---

В соответствии таблицы 20, частота генотипа rs 2243250 по гомозиготному типу соответствовал (C/C) 32% в общем, то есть 76 генотипа, из них в основной группе 36%, 57 генотипов, в контрольной группе 23%, 19 генотипов. По гетерозиготному типу (C/T) составил 44%, 105 генотипов, из них в основной группе 43%, 68 генотипов, а в контрольной группе 46% 37 генотипов. Гомозиготный генотип (T/T) соответствовал 24%, соответственно 58 генотипов, из них в основной группе 21%, 33 генотипа, а в контрольной группе 31%, 25 генотипов соответственно. В таблице 21 представлен rs2243250 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 21 – rs2243250 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=239)

Генотип	C/C	C/T	T/T	C	T	P-value
Обе группы	76	105	58	257	221	0.07
Контрольная группа	19	37	25	75	87	0.5
Основная группа	57	68	33	182	134	0.14

По точному тесту генотипы и аллели rs 2243250 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах на основании таблицы 21. В таблице 22 представлена ассоциация rs2243250 с моделями наследования.

Таблица 22 – Ассоциация rs2243250 с моделями наследования (n=239)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	C/C	19 (23.5%)	57 (36.1%)	1.00	<0.051
	C/T	37 (45.7%)	68 (43%)	0.61 (0.32-1.18)	
	T/T	25 (30.9%)	33 (20.9%)	0.44 (0.21-0.92)	
Доминантный	C/C	19 (23.5%)	57 (36.1%)	1.00	<0.044
	C/T-T/T	62 (76.5%)	101 (63.9%)	0.54 (0.30-1.00)	
Рецессивный	C/C-C/T	56 (69.1%)	125 (79.1%)	1.00	0.092
	T/T	25 (30.9%)	33 (20.9%)	0.59 (0.32-1.09)	
Сверхдоминантный	C/C-T/T	44 (54.3%)	90 (57%)	1.00	<0.7
	C/T	37 (45.7%)	68 (43%)	0.90 (0.52-1.54)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.66 (0.46-0.96)	0,026

На основании таблицы 22, rs2243250 ассоциированы со следующими моделями наследования: кодоминантный (T/T, ОШ= 0.44 (0.21-0.92), p=0.051), доминантный (C/T-T/T, ОШ= 0.54 (0.30-1.00), p=0.044), лог-аддитивный (ОШ=0.66 (0.46-0.96), p=0.026), ОШ меньше 1, это можно утверждать как, при наличии данных генотипов при данных моделях наследования риск развития сердечно-сосудистых событий уменьшается.

SNP: rs3850641

Процент генотипированных образцов: 198/254 (77.95%). В таблице 23 представлена частота аллелей rs3850641.

Таблица 23 – Частота аллеля rs3850641 (n=198)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A	295	0.74	83	0.77	212	0.74
G	101	0.26	25	0.23	76	0.26

В соответствии таблицы 23, 198 образцов из 254 образца rs 3850641 были генотипированы, что составило 77.95%. Частота аллеля А составило 74%, 295 аллелей, из них в основной группе 74%, 212 аллелей, в контрольной группе 77%, 83 аллелей следовательно. Аллелей G было в общем 26%, то есть 101 аллелей, в основной 26%, 76 аллелей и в контрольной группе 23%, 25 аллелей. В таблице 24 представлена частота генотипа rs3850641.

Таблица 24 – Частота генотипа rs3850641 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A/A	109	0.55	31	0.57	78	0.54
A/G	77	0.39	21	0.39	56	0.39
G/G	12	0.06	2	0.04	10	0.07
NA	56	---	37	---	19	---

По данным таблицы 24, частота генотипа rs 3850641 по гомозиготному типу соответствовал (A/A) 55% в общем, то есть 109 генотипа, из них в основной группе 54%, 78 генотипов, в контрольной группе 57%, 31 генотип. По гетерозиготному типу (A/G) составил 39%, 77 генотипов, из них в основной группе 39%, 56 генотипов, а в контрольной группе 39% 21 генотип. Гомозиготный генотип (G/G) соответствовал 6%, соответственно 12 генотипов, из них в основной группе 7%, 10 генотипов, а в контрольной группе 4%, 2 генотипа соответственно. В таблице 25 описан rs3850641 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 25 – rs3850641 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=198)

Генотип	A/A	A/G	G/G	A	G	P-value
Обе группы	109	77	12	295	101	0.85
Контрольная группа	31	21	2	83	25	0.71
Основная группа	78	56	10	212	76	1

По данным таблицы 25, то есть, по точному тесту генотипы и аллели rs 3850641 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. В таблице 26 описана ассоциация rs3850641 с моделями наследования.

Таблица 26 – Ассоциация rs3850641 с моделями наследования (n=198)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	A/A	31 (57.4%)	78 (54.2%)	1.00	0.66
	A/G	21 (38.9%)	56 (38.9%)	1.06 (0.55-2.03)	
	G/G	2 (3.7%)	10 (6.9%)	1.99 (0.41-9.59)	
Доминантный	A/A	31 (57.4%)	78 (54.2%)	1.00	0.68
	A/G-G/G	23 (42.6%)	66 (45.8%)	1.14 (0.61-2.14)	
Рецессивный	A/A-A/G	52 (96.3%)	134 (93.1%)	1.00	0.37
	G/G	2 (3.7%)	10 (6.9%)	1.94 (0.41-9.16)	
Сверхдоминантный	A/A-G/G	33 (61.1%)	88 (61.1%)	1.00	1
	A/G	21 (38.9%)	56 (38.9%)	1.00 (0.53-1.90)	
Лог-аддитивный	---	---	---	1.20 (0.71-2.02)	0.5

В соответствии таблицы 26, Rs 3850641 не ассоциирован с моделями наследования.

SNP: rs4986790.

Процент генотипированных образцов: 188/254 (74.02%). В таблице 27 представлена частота аллелей rs4986790.

Таблица 27 – Частота аллеля rs4986790 (n=188)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A	349	0.93	99	0.95	250	0.92
G	27	0.07	5	0.05	22	0.08

По данным таблицы 27, 188 образцов из 254 образца rs 4986790 были генотипированы, что составило 74,02%. Частота аллеля А составило 93%, 349 аллелей, из них в основной группе 92%, 250 аллелей, в контрольной группе также 95%, 99 аллелей следовательно. Аллелей G было в общем 7%, то есть 27 аллелей, в основной 8%, 22 аллелей и в контрольной группе 5%, 5 аллелей. В таблице 28 описана частота генотипов rs4986790.

Таблица 28 – Частота генотипа rs4986790 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A/A	163	0.87	47	0.9	116	0.85
A/G	23	0.12	5	0.1	18	0.13
G/G	2	0.01	0	0	2	0.01
NA	66	---	39	---	27	---

По таблице 28, видно что, частота генотипа rs 4986790 по гомозиготному типу соответствовал (A/A) 87n% в общем, то есть 163 генотипа, из них в основной группе 85%, 116 генотипа, в контрольной группе 9%, 47 генотипа. По гетерозиготному типу (A/G) составил 12%, 23 генотипа, из них в основной группе 13%, 18 генотипов, а в контрольной группе 10% 5 генотипов. Гомозиготный генотип (G/G) соответствовал 1%, соответственно 2 генотипа, из них в основной группе 1%, 2 генотипа, а в контрольной группе не было выявлено. Rs4986790 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга представлен в таблице 29.

Таблица 29 – rs4986790 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=188)

Генотип	A/A	A/G	G/G	A	G	P-value
Обе группы	163	23	2	349	27	0.24
Контрольная группа	47	5	0	99	5	1
Основная группа	116	18	2	250	22	0.2

В соответствии таблицы 29, по точному тесту генотипы и аллели rs 4986790 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Ассоциация rs4986790 с моделями наследования представлена в таблице 30.

Таблица 30 – Ассоциация rs4986790 с моделями наследования (n=188)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
	2	3	4	5	6
Кодоминантный	A/A	47 (90.4%)	116 (85.3%)	1.00	0.4
	A/G	5 (9.6%)	18 (13.2%)	1.46 (0.51-4.16)	
	G/G	0 (0%)	2 (1.5%)	NA (0.00-NA)	
Доминантный	A/A	47 (90.4%)	116 (85.3%)	1.00	0.34
	A/G-G/G	5 (9.6%)	20 (14.7%)	1.62 (0.57-4.57)	

Продолжение таблицы 30

1	2	3	4	5	6
Рецессивный	A/A-A/G	52 (100%)	134 (98.5%)	1.00	0.25
	G/G	0 (0%)	2 (1.5%)	NA (0.00-NA)	
Сверхдоминантный	A/A-G/G	47 (90.4%)	118 (86.8%)	1.00	0.49
	A/G	5 (9.6%)	18 (13.2%)	1.43 (0.50-4.08)	
Лог-аддитивный	---	---	---	1.68 (0.64-4.45)	0.27

По таблице 30 понятно, что rs 4986790 не ассоциирован с моделями наследования.

SNP: rs17576

Процент генотипированных образцов: 183/254 (72.05%). Частота аллелей rs17576 представлена в таблице 31.

Таблица 31 – Частота аллеля rs17576 (n=183)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	аллель	количество	пропорция
A	204	0.56	51	A	204	0.56
G	162	0.44	45	G	162	0.44

По данным таблицы 31, 183 образцов из 254 образца rs 17576 были генотипированы, что составило 72,05%. Частота аллеля А составило 56%, 204 аллелей, из них в основной группе 57%, 153 аллелей, в контрольной группе 53%, 51 аллелей следовательно. Аллелей G было в общем 44%, то есть 162 аллелей, в основной 43%, 117 аллелей и в контрольной группе 47%, 45 аллелей. В таблице 32 представлена частота генотипа rs17576.

Таблица 32 – Частота генотипа rs17576 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A/A	62	0.34	16	0.33	46	0.34
A/G	80	0.44	19	0.4	61	0.45
G/G	41	0.22	13	0.27	28	0.21
NA	71	---	43	---	28	---

По таблице 32, частота генотипа rs 17576 по гомозиготному типу соответствовал (A/A) 34% в общем, то есть 62 генотипов, из них в основной группе 34%, 46 генотипа, в контрольной группе 33%, 16 генотипов. По гетерозиготному типу (A/G) составил 44%, 80 генотипов, из них в основной группе 45%, 61 генотипов, а в контрольной группе 40% 19 генотипов. Гомозиготный генотип (G/G) соответствовал 22%, соответственно 41 генотип, из них в основной группе 21%, 28 генотипов, а в контрольной группе 27%, 13 генотипов соответственно. rs17576 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга представлен в таблице 33.

Таблица 33 – rs17576 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=183)

Генотип	A/A	A/G	G/G	A	G	P-value
Обе группы	62	80	41	204	162	0.13
Контрольная группа	16	19	13	51	45	0.16
Основная группа	46	61	28	153	117	0.38

По таблице 33, по точному тесту генотипы и аллели rs 17576 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Ассоциация rs17576 с моделями наследования описана в таблице 34.

Таблица 34 – Ассоциация rs17576 с моделями наследования (n=183)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	A/A	16 (33.3%)	46 (34.1%)	1.00	0.65
	A/G	19 (39.6%)	61 (45.2%)	1.12 (0.52-2.41)	
	G/G	13 (27.1%)	28 (20.7%)	0.75 (0.31-1.79)	
Доминантный	A/A	16 (33.3%)	46 (34.1%)	1.00	0.93
	A/G-G/G	32 (66.7%)	89 (65.9%)	0.97 (0.48-1.94)	
Рецессивный	A/A-A/G	35 (72.9%)	107 (79.3%)	1.00	0.37
	G/G	13 (27.1%)	28 (20.7%)	0.70 (0.33-1.51)	
Сверхдоминантный	A/A-G/G	29 (60.4%)	74 (54.8%)	1.00	0.5
	A/G	19 (39.6%)	61 (45.2%)	1.26 (0.64-2.46)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.88 (0.56-1.37)	0.57

По таблице 34, rs 17576 не ассоциирован с моделями наследования.
SNP: rs3184504.

Процент генотипированных образцов: 217/254 (85.43%). В таблице 35 описана частота аллелей rs3184504.

Таблица 35 – Частота аллеля rs3184504 (n=217)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C	231	0.53	82	0.61	149	0.5
T	203	0.47	52	0.39	151	0.5

В соответствии таблицы 35, 217 образцов из 254 образца rs 3184504 были генотипированы, что составило 85.43%. Частота аллеля C составило 53%, 231 аллелей, из них в основной группе 50%, 149 аллелей, в контрольной группе 61%, 82 аллелей следовательно. Аллелей T было в общем 47%, то есть 203 аллелей, в основной 50%, 151 аллель и в контрольной группе 39%, 52 аллеля. Частота генотипа rs3184504 указана в таблице 36.

Таблица 36 – Частота генотипа rs3184504 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C/C	48	0.22	23	0.34	25	0.17
C/T	135	0.62	36	0.54	99	0.66
T/T	34	0.16	8	0.12	26	0.17
NA	37	---	24	---	13	---

В соответствии таблицы 36, Частота генотипа rs 3184504 по гомозиготному типу соответствовал (C/C) 22% в общем, то есть 48 генотипов, из них в основной группе 17%, 25 генотипов, в контрольной группе 34%, 23 генотипа. По гетерозиготному типу (C/T) составил 62%, 135 генотипа, из них в основной группе 66%, 99 генотипов, а в контрольной группе 54% 36 генотипов. Гомозиготный генотип (T/T) соответствовал 16%, соответственно 34 генотипа, из них в основной группе 17%, 26 генотипов, а в контрольной группе 12%, 8 генотипов соответственно. В таблице 37 можно увидеть rs3184504 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 37 – rs3184504 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=217)

Генотип	C/C	C/T	T/T	C	T	P-value
Обе группы	48	135	34	231	203	0.000
Контрольная группа	23	36	8	82	52	0.44
Основная группа	25	99	26	149	151	0.000

По таблице 37, по точному тесту генотипы и аллели rs 3184504 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Ассоциация rs3184504 с моделями наследования показана в таблице 38.

Таблица 38 – Ассоциация rs3184504 с моделями наследования (n=217)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	C/C	23 (34.3%)	25 (16.7%)	1.00	0.017
	C/T	36 (53.7%)	99 (66%)	2.53 (1.28-5.01)	
	T/T	8 (11.9%)	26 (17.3%)	2.99 (1.13-7.92)	
Доминантный	C/C	23 (34.3%)	25 (16.7%)	1.00	0.000
	C/T-T/T	44 (65.7%)	125 (83.3%)	2.61 (1.35-5.07)	
Рецессивный	C/C-C/T	59 (88.1%)	124 (82.7%)	1.00	0.3
	T/T	8 (11.9%)	26 (17.3%)	1.55 (0.66-3.62)	
Сверхдоминантный	C/C-T/T	31 (46.3%)	51 (34%)	1.00	0.087
	C/T	36 (53.7%)	99 (66%)	1.67 (0.93-3.01)	
Лог-аддитивный	---	---	---	1.89 (1.15-3.09)	0.009

На основании таблицы 38, Rs 3184504 ассоциирован со следующими моделями наследования: кодоминантный (C/T, ОШ= 2.53 (1.28-5.01), T/T, ОШ=2.99 (1.13-7.92), p=0.017), доминантный (C/T-T/T, ОШ=2.61 (1.35-5.07),

$p=0.000$), лог-аддитивный (ОШ=1.89 (1.15-3.09), $p=0.009$). Учитывая, что при данной модели ОШ более 1, можно полагать, что риск увеличивается.

SNP: rs3782886

Процент генотипированных образцов: 206/254 (81.1%). В таблице 39 указана частота аллелей rs3782886

Таблица 39 – Частота аллеля rs3782886 (n=206)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
T	407	0.99	128	1	279	0.98
C	5	0.01	0	0	5	0.02

По таблице 39, 206 образцов из 254 образца rs 3782886 были генотипированы, что составило 81.1%. Частота аллеля T составило 99%, 407 аллелей, из них в основной группе 98 %, 279 аллелей, в контрольной группе 1%, 128 аллелей следовательно. Аллелей C было в общем 1% о есть 5 аллелей, в основной 2%, 5 аллелей и в контрольной группе аллеля C не было выявлено. Частота генотипов rs3782886 представлена в таблице 40.

Таблица 40 – Частота генотипа rs3782886 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C/C	1	0	0	0	1	0.01
T/C	3	0.01	0	0	3	0.02
T/T	202	0.98	64	1	138	0.97
NA	48	---	27	---	21	---

По данным таблицы 40, частота генотипа rs 3782886 по гомозиготному типу соответствовал (C/C) в общем 1 генотипа, который был выявлен в основной группе 1%, 1 генотип, в контрольной группе C/C генотипа не было обнаружено. По гетерозиготному типу (T/C) составил 1%, 3 генотипа, из них в основной группе 2%, 3 генотипа, а в контрольной группе генотип T/C не был выявлен. Гомозиготный генотип (T/T) соответствовал 98%, соответственно 202 генотипов, из них в основной группе 97%, 138 генотипов, а в контрольной группе 1%, 64 генотипов соответственно. В таблице 41 указан. rs3782886 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 41 – rs3782886 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=206)

Генотип	C/C	C/T	T/T	C	T	P-value
Обе группы	202	3	1	407	5	0.024
Контрольная группа	64	0	0	128	0	1
Основная группа	138	3	1	279	5	0.035

По точному тесту генотипы и аллели rs 3782886 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах по данным таблицы 41. В таблице 42 указана Ассоциация rs3782886 с моделями наследования.

Таблица 42 –Ассоциация rs3782886 с моделями наследования (n=206)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	T/T	64 (100%)	138 (97.2%)	1.00	0.22
	T/C	0 (0%)	3 (2.1%)	NA (0.00-NA)	
	C/C	0 (0%)	1 (0.7%)	NA (0.00-NA)	
Доминантный	T/T	64 (100%)	138 (97.2%)	1.00	0.083
	T/C-C/C	0 (0%)	4 (2.8%)	NA (0.00-NA)	
Рецессивный	T/T-T/C	64 (100%)	141 (99.3%)	1.00	0.39
	C/C	0 (0%)	1 (0.7%)	NA (0.00-NA)	
Сверхдоминантный	T/T-C/C	64 (100%)	139 (97.9%)	1.00	0.13
	T/C	0 (0%)	3 (2.1%)	NA (0.00-NA)	
Лог-аддитивный	---	---	---	NA (0.00-NA)	0.083

Rs 3782886 не ассоциирован с моделями наследования в соответствии данным таблицы 42.

SNP: rs1234315

Процент генотипированных образцов: 183/254 (72.05%). В таблице 43 указана частота аллелей rs1234315.

Таблица 43 – Частота аллеля rs1234315 (n=183)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C	198	0.54	53	0.6	145	0.52
T	168	0.46	35	0.4	133	0.48

По таблице 43, 183 образцов из 254 образца rs 1234315 были генотипированы, что составило 72,05%. Частота аллеля C составило 54%, 198 аллелей, из них в основной группе 52%, 145 аллелей, в контрольной группе 60%, 53 аллеля следовательно. Аллелей T было в общем 46%, то есть 168 аллелей, в основной 48%, 133 аллелей и в контрольной группе 40%, 35 аллелей. Частота генотипа rs1234315 представлен в таблице 44.

Таблица 44 –Частота генотипа rs1234315 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C/C	60	0.33	18	0.41	42	0.3
C/T	78	0.43	17	0.39	61	0.44
T/T	45	0.25	9	0.2	36	0.26
NA	71	---	47	---	24	---

В соответствии таблицы 44, частота генотипа rs 1234315 по гомозиготному типу соответствовал (С/С) 33% в общем, то есть 60 генотипов, из них в основной группе 30%, 42 генотипа, в контрольной группе 41%, 18 генотипов. По гетерозиготному типу (С/Т) составил 43%, 78 генотипов, из них в основной группе 44%, 61 генотипов, а в контрольной группе 39% 17 генотипов. Гомозиготный генотип (Т/Т) соответствовал 25%, соответственно 45 генотипов, из них в основной группе 26%, 36 генотипов, а в контрольной группе 20%, 9 генотипов соответственно. В таблице 45 указан rs1234315 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 45 – rs1234315 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=183)

Генотип	С/С	С/Т	Т/Т	С	Т	P-value
Обе группы	60	78	45	198	168	0.054
Контрольная группа	18	17	9	53	35	0.21
Основная группа	42	61	36	145	133	0.17

По точному тесту генотипы и аллели rs 1234315 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах по таблице 45. Ассоциация rs1234315 с моделями наследования написана в таблице 46.

Таблица 46 – Ассоциация rs1234315 с моделями наследования (n=183)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	С/С	18 (40.9%)	42 (30.2%)	1.00	0.42
	С/Т	17 (38.6%)	61 (43.9%)	1.54 (0.71-3.32)	
	Т/Т	9 (20.4%)	36 (25.9%)	1.71 (0.69-4.28)	
Доминантный	С/С	18 (40.9%)	42 (30.2%)	1.00	0.19
	С/Т-Т/Т	26 (59.1%)	97 (69.8%)	1.60 (0.79-3.22)	
Рецессивный	С/С-С/Т	35 (79.5%)	103 (74.1%)	1.00	0.46
	Т/Т	9 (20.4%)	36 (25.9%)	1.36 (0.60-3.10)	
Сверхдоминантный	С/С-Т/Т	27 (61.4%)	78 (56.1%)	1.00	0.54
	С/Т	17 (38.6%)	61 (43.9%)	1.24 (0.62-2.48)	
Лог-аддитивный	---	---	---	1.34 (0.84-2.11)	0.21

По таблице 46, rs 1234315 не ассоциирован с моделями наследования.
SNP: rs17228212

Процент генотипированных образцов: 189/254 (74.41%). В таблице 47 указана частота аллелей rs17228212.

Таблица 47 – Частота аллеля rs17228212 (n=189)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
Т	316	0.84	93	0.89	223	0.81
С	62	0.16	11	0.11	51	0.19

По таблице 47 видно, что 189 образцов rs 1800588 были генотипированы, что составило 74.41%. Частота аллеля Т составило 84%, 316 аллелей, из них в основной группе 81%, 223 аллеля, в контрольной группе 89%, 93 аллеля следовательно. Аллелей С было в общем 16%, то есть 62 аллеля, в основной 19%, 51 аллель и в контрольной группе 11%, 11 аллелей. В таблице 48 представлена частота генотипа rs17228212.

Таблица 48 – Частота генотипа rs17228212 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C/C	7	0.04	1	0.02	6	0.04
T/C	48	0.25	9	0.17	39	0.28
T/T	134	0.71	42	0.81	92	0.67
NA	65	---	39	---	26	---

В соответствии таблицы 48, Частота генотипа rs 17228212 по гомозиготному типу соответствовал (C/C) 4% в общем, то есть 7 генотипов, из них в основной группе 4%, 6 генотипов, в контрольной группе 2%, 1 генотип. По гетерозиготному типу (T/C) составил 25%, 48 генотипа, из них в основной группе 28%, 39 генотипов, а в контрольной группе 17% 9 генотипов. Гомозиготный генотип (T/T) соответствовал 71%, соответственно 134 генотипов, из них в основной группе 67%, 92 генотипа, а в контрольной группе 81%, 42 генотипа соответственно. В таблице 49 указан rs17228212 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 49 – rs17228212 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=189)

Генотип	C/C	C/T	T/T	C	T	P-value
Обе группы	134	48	7	316	62	0.29
Контрольная группа	42	9	1	93	11	0.45
Основная группа	92	39	6	223	51	0.57

Таблица 49 указывает, что по точному тесту генотипы и аллели rs 17228212 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. В таблице 50 представлена ассоциация rs17228212 с моделями наследования.

Таблица 50 – Ассоциация rs17228212 с моделями наследования (n=189)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
	2	3	4	5	6
Кодоминантный	T/T	42 (80.8%)	92 (67.2%)	1.00	0.16
	C/T	9 (17.3%)	39 (28.5%)	1.98 (0.88-4.45)	
	C/C	1 (1.9%)	6 (4.4%)	2.74 (0.32-23.47)	
Доминантный	T/T	42 (80.8%)	92 (67.2%)	1.00	0.059
	C/T-C/C	10 (19.2%)	45 (32.9%)	2.05 (0.95-4.47)	

Продолжение таблицы 50

1	2	3	4	5	6
Рецессивный	Т/Т-С/Т	51 (98.1%)	131 (95.6%)	1.00	0.39
	С/С	1 (1.9%)	6 (4.4%)	2.34 (0.27-19.89)	
Сверхдоминантный	Т/Т-С/С	43 (82.7%)	98 (71.5%)	1.00	0.11
	С/Т	9 (17.3%)	39 (28.5%)	1.90 (0.85-4.27)	
Лог-аддитивный	---	---	---	1.87 (0.94-3.69)	0.058

По таблице 50, rs 17228212 не ассоциирован с моделями наследования.
SNP: rs788016

Процент генотипированных образцов: 169/254 (66.54%). Частота аллелей rs788016 указана в таблице 51.

Таблица 51 – Частота аллеля rs788016 (n=169)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
G	216	0.64	51	0.61	165	0.65
A	122	0.36	33	0.39	89	0.35

По таблице 51, 169 образцов из 254 образца rs 788016 были генотипированы, что составило 66.54%. Частота аллеля G составило 64%, 216 аллелей, из них в основной группе 65%, 165 аллелей, в контрольной группе 61%, 51 аллель следовательно. Аллелей А было в общем 36%, то есть 122 аллеля, в основной 35%, 89 аллелей и в контрольной группе 39%, 33 аллелей. В таблице 52 указана частота генотипа rs788016.

Таблица 52 – Частота генотипа rs788016 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A/A	24	0.14	7	0.17	17	0.13
G/A	74	0.44	19	0.45	55	0.43
G/G	71	0.42	16	0.38	55	0.43
NA	85	---	49	---	36	---

По таблице 52, частота генотипа rs788016 по гомозиготному типу соответствовал (A/A) 14% в общем, то есть 24 генотипа, из них в основной группе 13%, 17 генотипов, в контрольной группе 17%, 7 генотипов. По гетерозиготному типу (G/A) составил 44%, 74 генотипа, из них в основной группе 43%, 55 генотипов, а в контрольной группе 45% 19 генотипов. Гомозиготный генотип (G/G) соответствовал 42%, соответственно 71 генотип, из них в основной группе 43%, 55 генотипов, а в контрольной группе 38%, 16 генотипов соответственно. В таблице 53 указан rs788016 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 53 – rs788016 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=169)

Генотип	C/C	C/T	T/T	C	T	P-value
Обе группы	71	74	24	216	122	0.51
Контрольная группа	16	19	7	51	33	0.75
Основная группа	55	55	17	165	89	0.56

По таблице 53, по точному тесту генотипы и аллели rs 788016 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. В таблице 54 указана ассоциация rs788016 с моделями наследования.

Таблица 54 – Ассоциация rs788016 с моделями наследования (n=169)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	G/G	16 (38.1%)	55 (43.3%)	1.00	0.79
	A/G	19 (45.2%)	55 (43.3%)	0.84 (0.39-1.81)	
	A/A	7 (16.7%)	17 (13.4%)	0.71 (0.25-2.00)	
Доминантный	G/G	16 (38.1%)	55 (43.3%)	1.00	0.55
	A/G-A/A	26 (61.9%)	72 (56.7%)	0.81 (0.39-1.65)	
Рецессивный	G/G-A/G	35 (83.3%)	110 (86.6%)	1.00	0.6
	A/A	7 (16.7%)	17 (13.4%)	0.77 (0.30-2.02)	
Сверхдоминантный	G/G-A/A	23 (54.8%)	72 (56.7%)	1.00	0.83
	A/G	19 (45.2%)	55 (43.3%)	0.92 (0.46-1.87)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.84 (0.51-1.38)	0.49

По таблице 54, rs 788016 не ассоциирован с моделями наследования.
SNP: rs2340690

Процент генотипированных образцов: 173/254 (68.11%). Частоту аллелей rs2340690 можно увидеть в таблице 55.

Таблица 55 – Частота аллеля rs2340690 (n=173)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A	256	0.74	60	0.7	196	0.75
G	90	0.26	26	0.3	64	0.25

По таблице 55, 173 образцов из 254 образца rs 2340690 были генотипированы, что составило 68.11%. Частота аллеля А составило 74%, 256 аллелей, из них в основной группе 75%, 196 аллелей, в контрольной группе 70%, 60 аллелей следовательно. Аллелей G было в общем 26%, то есть 90 аллелей, в основной 25%, 64 аллелей и в контрольной группе 30%, 26 аллелей. Частота генотипа rs2340690 описана в таблице 56.

Таблица 56 – Частота генотипа rs2340690 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A/A	92	0.53	23	0.53	69	0.53
A/G	72	0.42	14	0.33	58	0.45
G/G	9	0.05	6	0.14	3	0.02
NA	81	---	48	---	33	---

В соответствии таблицы 56, частота генотипа rs 2340690 по гомозиготному типу соответствовал (A/A) 53% в общем, то есть 92 генотипа, из них в основной группе 53%, 69 генотипа, в контрольной группе 53%, 23 генотипа. По гетерозиготному типу (A/G) составил 42%, 72 генотипа, из них в основной группе 45%, 58 генотипов, а в контрольной группе 33% 14 генотипов. Гомозиготный генотип (G/G) соответствовал 5%, соответственно 9 генотипов, из них в основной группе 2%, 3 генотипа, а в контрольной группе 14%, 6 генотипов соответственно. В таблице 57 описан rs2340690 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 57 – rs2340690 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=173)

Генотип	A/A	A/G	G/G	A	G	P-value
Обе группы	92	72	9	256	90	0.33
Контрольная группа	23	14	6	60	26	0.15
Основная группа	69	58	3	196	64	0.031

По таблице 57, по точному тесту генотипы и аллели rs 2340690 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. В таблице 58 указана ассоциация rs2340690 с моделями наследования.

Таблица 58 – Ассоциация rs2340690 с моделями наследования (n=173)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	A/A	23 (53.5%)	69 (53.1%)	1.00	0.017
	A/G	14 (32.6%)	58 (44.6%)	1.38 (0.65-2.93)	
	G/G	6 (13.9%)	3 (2.3%)	0.17 (0.04-0.72)	
Доминантный	A/A	23 (53.5%)	69 (53.1%)	1.00	0.96
	A/G-G/G	20 (46.5%)	61 (46.9%)	1.02 (0.51-2.03)	
Рецессивный	A/A-A/G	37 (86%)	127 (97.7%)	1.00	0.0064
	G/G	6 (13.9%)	3 (2.3%)	0.15 (0.03-0.61)	
Сверхдоминантный	A/A-G/G	29 (67.4%)	72 (55.4%)	1.00	0.16
	A/G	14 (32.6%)	58 (44.6%)	1.67 (0.81-3.45)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.73 (0.42-1.29)	0.29

В соответствии таблицы 58, rs 2340690 ассоциирован со следующими моделями наследования: кодоминантный (G/G, ОШ=0.17 (0.04-0.72), p=0.017),

рецессивный (G/G, ОШ=0.15 (0.03-0.61), p=0.0064), ОШ меньше 1 , это можно утверждать как, при наличии данных генотипов риск уменьшается.

SNP: rs 6725887

Процент генотипированных образцов: 171/254 (67.32%). В таблице 59 представлена частота аллелей rs6725887.

Таблица 59 – Частота аллеля rs6725887 (n=171)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
T	265	0.77	58	0.76	207	0.78
C	77	0.23	18	0.24	59	0.22

По таблице 59, 171 образцов из 254 образца rs6725887 были генотипированы, что составило 67,32%. Частота аллеля T составило 77%, то есть 265 аллелей, из них в основной группе 78%, 207 аллелей T, в контрольной группе 76%, 58 аллелей. Аллелей C было в общем 23%, следовательно 77 аллелей, что составило в основной группе 22%, 59 аллелей, а в контрольной группе 24%, 18 аллелей. В таблице 60 указана частота генотипа rs6725887.

Таблица 60 – Частота генотипа rs6725887 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C/C	23	0.13	6	0.16	17	0.13
T/C	31	0.18	6	0.16	25	0.19
T/T	117	0.68	26	0.68	91	0.68
NA	83	---	53	---	30	---

По таблице 60 видно, что частота генотипа rs 6725887 по гомозиготному типу соответствовал генотип (C/C) 13% в общем, из них в основной группе 13%, в контрольной группе 16%. По гетерозиготному типу генотип (T/C) составил 18%, из них в основной группе 19%, а в контрольной группе 16%. Гомозиготный генотип (T/T) соответствовал 68%, в основной группе и в контрольной группе по 68% соответственно. 83 генотипов не были идентифицированы. В таблице 61 указан rs6725887 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 61 – rs6725887 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=171)

Генотип	T/T	T/C	C/C	T	C	P-value
Обе группы	117	31	23	265	77	<0.0001
Контрольная группа	26	6	6	58	18	0.0013
Основная группа	91	25	17	207	59	<0.0001

В соответствии таблицы 61, по точному тесту генотипы и аллели rs 6725887 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. В таблице 62 описана ассоциация rs6725887 с моделями наследования.

Таблица 62 – Ассоциация rs6725887 с моделями наследования (n=171)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	T/T	26 (68.4%)	91 (68.4%)	1.00	0.84
	C/T	6 (15.8%)	25 (18.8%)	1.19 (0.44-3.21)	
	C/C	6 (15.8%)	17 (12.8%)	0.81 (0.29-2.26)	
Доминантный	T/T	26 (68.4%)	91 (68.4%)	1.00	1
	C/T-C/C	12 (31.6%)	42 (31.6%)	1.00 (0.46-2.17)	
Рецессивный	T/T-C/T	32 (84.2%)	116 (87.2%)	1.00	0.64
	C/C	6 (15.8%)	17 (12.8%)	0.78 (0.28-2.15)	
Сверхдоминантный	T/T-C/C	32 (84.2%)	108 (81.2%)	1.00	0.67
	C/T	6 (15.8%)	25 (18.8%)	1.23 (0.47-3.27)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.94 (0.58-1.55)	0.82

По таблице 62 видно, что Rs 6725887 не ассоциирован с моделями наследования.

Таким образом, риск сердечно-сосудистых событий был ассоциирован со следующими генами биомаркеров воспаления и иммунного ответа:

1. Rs 1234313 гена *TNFSF4* ассоциированы со следующими моделями: кодоминантный (A/G, ОШ=4.57 (2.35-8.87), p=<0.0001), доминантный (A/G-A/A, ОШ=3.14 (1.75-5.63), p=<0.0001), сверхдоминантный (A/G, ОШ=4.01 (2.19-7.36), p=<0.0001), учитывая что при данных моделях ОШ более 1, риск развития сердечно-сосудистых событий увеличивается на 4,57 раз, 3,14 раз и 4,01 раз соответственно.

2. Rs 2243250 гена *IL4* ассоциированы со следующими моделями: кодоминантный (T/T, ОШ=0.44 (0.21-0.92), p=0.051), лог-аддитивный (ОШ=0.66 (0.46-0.96), p=0.026), ОШ меньше 1, это можно утверждать как, при наличии данных генотипов при данных моделях наследования риск развития сердечно-сосудистых событий уменьшается.

3. Rs 3184504 гена *SH2D3; ATXN2* ассоциирован с ИБС: по кодоминантной модели (C/T, ОШ= 2.53 (1.28-5.01), T/T, ОШ= 2.99 (1.13-7.92), p=0.017), доминантный (C/T-T/T, ОШ=2.61 (1.35-5.07), p=0.000), лог-аддитивный (ОШ=1.89 (1.15-3.09), p=0.009). Учитывая, что при данной модели ОШ более 1, можно полагать, что риск увеличивается.

4. Rs 2340690 ассоциирован со следующими моделями: кодоминантный (G/G, ОШ= 0.17 (0.04-0.72), p=0.017), рецессивный (G/G, ОШ=0.15 (0.03- 0.61), p=0.0064), ОШ меньше 1, это можно утверждать как, при наличии данных генотипов риск уменьшается, что свидетельствует о возможной протективной роли данного полиморфизма при ИБС.

3.2.2 Гены биомаркеров системы гемостаза, связанных с риском развития кардиоваскулярных событий

SNP: rs1799963

Процент генотипированных образцов: 201/254 (79.13%). Частота аллелей rs1799963 описан в таблице 63.

Таблица 63 – Частота аллеля rs1799963 (n=201)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество
G	333	0.83	99	0.81	234
A	69	0.17	23	0.19	46

По данным таблицы 63, 201 образцов из 254 образца rs 1799963 были генотипированы, что составило 79,13%. Частота аллеля G составило 83%, 333 аллелей, из них в основной группе 84%, 234 аллелей, в контрольной группе также 81%, 99 аллелей. Аллелей A было в общем 17% , то есть 69 аллелей, в основной 16%, 46 аллелей и в контрольной группе 19%, 23 аллелей. Частота генотипа rs1799963 представлена в таблице 64.

Таблица 64 – Частота генотипа rs1799963 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество
A/A	2	0.01	1	0.02	1
G/A	65	0.32	21	0.34	44
G/G	134	0.67	39	0.64	95
NA	53	---	30	---	23

В соответствии таблицы 64, частота генотипа rs 1799963 по гомозиготному типу соответствовал (A/A) 1% в общем, то есть 2 генотипа, из них в основной группе 1%, 1 генотип, в контрольной группе 2%, 1 генотип. По гетерозиготному типу (G/A) составил 32%, 65 генотипа, из них в основной группе 44%, 31 генотипов, а в контрольной группе 34% 21 генотипов. Гомозиготный генотип (G/G) соответствовал 67%, соответственно 134 генотипов, из них в основной группе 68%, 95 генотипов, а в контрольной группе 64%, 39 генотипов соответственно. В таблице 65 указан rs 1799963 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 65 – Rs 1799963 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=201)

Генотип	G/G	G/A	A/A	G	A
Обе группы	134	65	2	333	69
Контрольная группа	39	21	1	99	23
Основная группа	95	44	1	234	46

В соответствии таблицы 65, по точному тесту генотипы и аллели rs 1799963 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Ассоциация rs1799963 с моделями наследования представлена в таблице 66.

Таблица 66 – Ассоциация rs1799963 с моделями наследования (n=201)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	G/G	39 (63.9%)	95 (67.9%)	1.00	0.76
	A/G	21 (34.4%)	44 (31.4%)	0.86 (0.45-1.63)	
	A/A	1 (1.6%)	1 (0.7%)	0.41 (0.03-6.73)	
Доминантный	G/G	39 (63.9%)	95 (67.9%)	1.00	0.59
	A/G-A/A	22 (36.1%)	45 (32.1%)	0.84 (0.45-1.58)	
Рецессивный	G/G-A/G	60 (98.4%)	139 (99.3%)	1.00	0.56
	A/A	1 (1.6%)	1 (0.7%)	0.43 (0.03-7.02)	
Сверхдоминантный	G/G-A/A	40 (65.6%)	96 (68.6%)	1.00	0.68
	A/G	21 (34.4%)	44 (31.4%)	0.87 (0.46-1.65)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.82 (0.45-1.50)	0.53

По таблице 66 видно, что Rs 1799963 не ассоциирован с моделями.
SNP: rs6025

Процент генотипированных образцов: 174/254 (68.5%). Частота аллеля rs6025 представлена в таблице 67.

Таблица 67 – Частота аллеля rs6025 (n=174)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C	302	0.87	73	0.79	229	0.89
T	46	0.13	19	0.21	27	0.11

В таблице 67 указано, что 174 образцов из 254 образца rs 6025 были генотипированы, что составило 68,5%. Частота аллеля C составило 87%, 302 аллелей, из них в основной группе 89%, 229 аллелей, в контрольной группе также 79%, 73 аллелей следовательно. Аллелей T было в общем 13%, то есть 46 аллелей, в основной 11%, 27 аллелей и в контрольной группе 21%, 19 аллелей. Частота генотипа rs6025 представлена в таблице 68.

Таблица 68 – Частота генотипа rs6025 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C/C	142	0.82	32	0.7	110	0.86
C/T	18	0.1	9	0.2	9	0.07
T/T	14	0.08	5	0.11	9	0.07
NA	80	---	45	---	35	---

По данным таблицы 68, частота генотипа rs 6025 по гомозиготному типу соответствовал (C/C) 82% в общем, то есть 142 генотипа, из них в основной группе 86%, 110 генотипа, в контрольной группе 70%, 32 генотипа. По гетерозиготному типу (C/T) составил 10%, 18 генотипа, из них в основной группе 7%, 9 генотипов, а в контрольной группе 2% 9 генотипов. Гомозиготный генотип (T/T) соответствовал 8%, соответственно 14 генотипов, из них в основной группе 7%, 9 генотипов, а в контрольной группе 11%, 5 генотипов соответственно. rs6025 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга описан в таблице 69.

Таблица 69 – rs6025 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=174)

Генотип	C/C	C/T	T/T	C	T	P-value
Обе группы	142	18	14	302	46	<0.0001
Контрольная группа	32	9	5	73	19	0.012
Основная группа	110	9	9	229	27	<0.0001

В соответствии таблицы 69, по точному тесту генотипы и аллели rs 6025 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Ассоциация rs6025 с моделями наследования описана в таблице 70.

Таблица 70 – Ассоциация rs6025 с моделями наследования (n=174)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	C/C	32 (69.6%)	110 (85.9%)	1.00	0.044
	C/T	9 (19.6%)	9 (7%)	0.29 (0.11-0.79)	
	T/T	5 (10.9%)	9 (7%)	0.52 (0.16-1.67)	
Доминантный	C/C	32 (69.6%)	110 (85.9%)	1.00	0.018
	C/T-T/T	14 (30.4%)	18 (14.1%)	0.37 (0.17-0.83)	
Рецессивный	C/C-C/T	41 (89.1%)	119 (93%)	1.00	0.43
	T/T	5 (10.9%)	9 (7%)	0.62 (0.20-1.96)	
Сверхдоминантный	C/C-T/T	37 (80.4%)	119 (93%)	1.00	0.024
	C/T	9 (19.6%)	9 (7%)	0.31 (0.11-0.84)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.60 (0.36-1.01)	0.058

По таблице 70, rs 6025 ассоциированы со следующими моделями наследования: кодоминантный (C/T, ОШ= 0.29 (0.11-0.79), p=0.044), доминантный (C/T-T/T, ОШ=0.37 (0.17-0.83), p=0.018), сверхдоминантный (C/T, ОШ=0.31 (0.11-0.84), p=0.024), ОШ меньше 1, это можно утверждать при наличии данных генотипов риск уменьшается.

SNP: rs1800787

Процент генотипированных образцов: 170/254 (66.93%). Частота аллеля rs1800787 указан в таблице 71.

Таблица 71 – Частота аллеля rs1800787 (n=170)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C	229	0.67	48	0.53	181	0.72
T	111	0.33	42	0.47	69	0.28

По таблице 71, 170 образцов из 254 образца rs 1800787 были генотипированы, что составило 66.93%. Частота аллеля C составило 67%, 229 аллелей, из них в основной группе 72%, 181 аллелей, в контрольной группе 53%, 48 аллелей следовательно. Аллелей T было в общем 33%, то есть 111 аллелей, в основной 28%, 69 аллелей и в контрольной группе 47%, 42 аллеля. Частота генотипа rs1800787 представлена в таблице 72.

Таблица 72 – Частота генотипа rs1800787 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C/C	89	0.52	17	0.38	72	0.58
C/T	51	0.3	14	0.31	37	0.3
T/T	30	0.18	14	0.31	16	0.13
NA	84	---	46	---	38	---

В соответствии таблицы 72, частота генотипа rs 1800787 по гомозиготному типу соответствовал (C/C) 52% в общем, то есть 89 генотипа, из них в основной группе 58%, 72 генотипа, в контрольной группе 38%, 17 генотипов. По гетерозиготному типу (C/T) составил 30%, 51 генотип, из них в основной группе 30%, 37 генотипов, а в контрольной группе 31% 14 генотипов. Гомозиготный генотип (T/T) соответствовал 18%, соответственно 30 генотипов, из них в основной группе 13%, 16 генотипов, а в контрольной группе 31%, 14 генотипов соответственно. Остальные 84 генотипа не были идентифицированы, из них 38 в основной группе, 46 в контрольной группе следовательно. Rs1800787 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=170) указан в таблице 73.

Таблица 73 – rs1800787 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=170)

Генотип	C/C	C/T	T/T	C	T	P-value
Обе группы	89	51	30	229	111	<0.0001
Контрольная группа	17	14	14	48	42	0.016
Основная группа	72	37	16	181	69	0.006

В соответствии таблицы 73, по точному тесту генотипы и аллели rs 1800787 не соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Ассоциация rs1800787 с моделями наследования представлена в таблице 74.

Таблица 74 – Ассоциация rs1800787 с моделями наследования (n=170)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	C/C	17 (37.8%)	72 (57.6%)	1.00	0.016
	C/T	14 (31.1%)	37 (29.6%)	0.62 (0.28-1.40)	
	T/T	14 (31.1%)	16 (12.8%)	0.27 (0.11-0.66)	
Доминантный	C/C	17 (37.8%)	72 (57.6%)	1.00	0.022
	C/T-T/T	28 (62.2%)	53 (42.4%)	0.45 (0.22-0.90)	
Рецессивный	C/C-C/T	31 (68.9%)	109 (87.2%)	1.00	0.008
	T/T	14 (31.1%)	16 (12.8%)	0.33 (0.14-0.74)	
Сверхдоминантный	C/C-T/T	31 (68.9%)	88 (70.4%)	1.00	0.85
	C/T	14 (31.1%)	37 (29.6%)	0.93 (0.44-1.95)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.53 (0.34-0.82)	0.004

По таблице 74, rs 1800787 ассоциирован со следующими моделями наследования: кодоминантный (Т/Т, ОШ= 0.27 (0.11-0.66), p=0.016), доминантный (С/Т-Т/Т, ОШ=0.45 (0.22-0.90), p=0.022), рецессивный (Т/Т, ОШ=0.33 (0.14-0.74), p=0.008), логаддитивный (ОШ=0.53 (0.34-0.82), p=0.004), ОШ меньше 1, это можно утверждать как, при наличии данных генотипов риск уменьшается.

SNP: rs1799983

Процент генотипированных образцов: 217/254 (85.43%). Частота аллеля rs 1799983 представлена в таблице 75.

Таблица 75 – Частота аллеля rs 1799983 (n=217)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
G	314	0.72	93	0.62	221	0.78
T	120	0.28	57	0.38	63	0.22

По таблице 75, 217 образцов из 254 образца rs 1799983 были генотипированы, что составило 85,43%. Частота аллеля G составило 72%, 314 аллелей, из них в основной группе 78%, 221 аллелей, в контрольной группе 62%, 93 аллелей следовательно. Аллелей Т было в общем 28% , то есть 120 аллелей, в основной 22%, 63 аллелей и в контрольной группе 38%, 57 аллелей. Частота генотипа rs1799983 указана в таблице 76.

Таблица 76 – Частота генотипа rs1799983 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
G/G	104	0.48	23	0.31	81	0.57
G/T	106	0.49	47	0.63	59	0.42
T/T	7	0.03	5	0.07	2	0.01
NA	37	---	16	---	21	---

По таблице 76, Частота генотипа rs 1799983 по гомозиготному типу соответствовал (G/G) 48% в общем, то есть 104 генотипа, из них в основной группе 57%, 81 генотипа, в контрольной группе 31%, 23 генотипов. По гетерозиготному типу (G/T) составил 49%, 106 генотипа, из них в основной группе 42%, 59 генотипов, а в контрольной группе 63% 47 генотипов. Гомозиготный генотип (T/T) соответствовал 3%, соответственно 7 генотипов, из них в основной группе 1%, 2 генотипа, а в контрольной группе 7%, 5 генотипов соответственно. Rs1799983 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга представлен в таблице 77.

Таблица 77 – rs1799983 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=217)

Генотип	G/G	G/T	T/T	G	T	P-value
Обе группы	104	106	7	314	120	0.001
Контрольная группа	23	47	5	93	57	0.006
Основная группа	81	59	2	221	63	0.015

В соответствии 77, по точному тесту генотипы и аллели rs 1799983 не соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Ассоциация rs1799983 с моделями наследования описана в таблице 78.

Таблица 78 – Ассоциация rs1799983 с моделями наследования (n=217)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	G/G	23 (30.7%)	81 (57%)	1.00	0.001
	G/T	47 (62.7%)	59 (41.5%)	0.36 (0.20-0.65)	
	T/T	5 (6.7%)	2 (1.4%)	0.11 (0.02-0.62)	
Доминантный	G/G	23 (30.7%)	81 (57%)	1.00	0.001
	G/T-T/T	52 (69.3%)	61 (43%)	0.33 (0.18-0.60)	
Рецессивный	G/G-G/T	70 (93.3%)	140 (98.6%)	1.00	0.043
	T/T	5 (6.7%)	2 (1.4%)	0.20 (0.04-1.06)	
Сверхдоминантный	G/G-T/T	28 (37.3%)	83 (58.5%)	1.00	0.003
	G/T	47 (62.7%)	59 (41.5%)	0.42 (0.24-0.75)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.35 (0.21-0.60)	0.001

По таблице 78, Rs 1799983 ассоциированы со следующими моделями наследования: кодоминантный (G/T, ОШ= 0.36 (0.20-0.65), T/T ОШ=0.11 (0.02-0.62), p=0.001), доминантный (G/T-T/T, ОШ=0.33 (0.18-0.60), p=0.001), сверхдоминантный (G/T, ОШ=0.42 (0.24-0.75), p=0.003), логаддитивный (ОШ=0.35 (0.21-0.60), p=0.001), ОШ меньше 1, это можно утверждать как, при наличии данных генотипов риск уменьшается.

SNP: rs2306374

Процент генотипированных образцов: 205/254 (80.71%). Частота аллеля rs2306374 представлена в таблице 79.

Таблица 79 – Частота аллеля rs2306374 (n=205)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
T	352	0.86	104	0.83	248	0.87
C	58	0.14	22	0.17	36	0.13

По таблице 79, 205 образцов из 254 образца rs 2306374 были генотипированы, что составило 80.71%. Частота аллеля T составило 86%, 352 аллелей, из них в основной группе 87 %, 248 аллелей, в контрольной группе 83%, 104 аллелей следовательно. Аллелей C было в общем 14%, то есть 58 аллелей, в основной 13 %, 36 аллелей и в контрольной группе 17%, 22 аллеля. Частота генотипа rs2306374 представлен в таблице 80.

Таблица 80 – Частота генотипа rs2306374 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C/C	14	0.07	7	0.11	7	0.05
T/C	30	0.15	8	0.13	22	0.15
T/T	161	0.79	48	0.76	113	0.8
NA	49	---	28	---	21	---

По таблице 80, частота генотипа rs 2306374 по гомозиготному типу соответствовал (C/C) 7% в общем, то есть 14 генотипа, из них в основной группе 5%, 7 генотипов, в контрольной группе 11%, 7 генотипов. По гетерозиготному типу (T/C) составило 15%, 30 генотипов, из них в основной группе 15%, 22 генотипа, а в контрольной группе 11% 7 генотипов. Гомозиготный генотип (T/T) соответствовало 79%, соответственно 161 генотип, из них в основной группе 80%, 113 генотипов, а в контрольной группе 76 %, 48 генотипов соответственно. Rs 2306374 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга указан в таблице 81.

Таблица 81 – Rs 2306374 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=205)

Генотип	T/T	T/C	C/C	T	C	P-value
Обе группы	161	30	14	352	58	<0.0001
Контрольная группа	48	8	7	104	22	<0.0001
Основная группа	113	22	7	248	36	0.001

В соответствии таблицы 81, по точному тесту генотипы и аллели rs 2306374 не соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. В таблице 82 представлена ассоциация rs 2306374 с моделями наследования.

Таблица 82 – Ассоциация rs 2306374 с моделями наследования (n=205)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	T/T	48 (76.2%)	113 (79.6%)	1.00	0.28
	C/T	8 (12.7%)	22 (15.5%)	1.17 (0.49-2.81)	
	C/C	7 (11.1%)	7 (4.9%)	0.42 (0.14-1.28)	
Доминантный	T/T	48 (76.2%)	113 (79.6%)	1.00	0.59
	C/T-C/C	15 (23.8%)	29 (20.4%)	0.82 (0.40-1.67)	
Рецессивный	T/T-C/T	56 (88.9%)	135 (95.1%)	1.00	0.12
	C/C	7 (11.1%)	7 (4.9%)	0.41 (0.14-1.24)	
Сверхдоминантный	T/T-C/C	55 (87.3%)	120 (84.5%)	1.00	0.6
	C/T	8 (12.7%)	22 (15.5%)	1.26 (0.53-3.01)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.76 (0.47-1.25)	0.29

По таблице 82, rs 2306374 не ассоциирован с моделями наследования.
SNP: rs5918

Процент генотипированных образцов: 192/254 (75.59%). Частота аллеля rs5918 представлена в таблице 83.

Таблица 83 – Частота аллеля rs5918

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
T	338	0.88	93	0.86	245	0.89
C	46	0.12	15	0.14	31	0.11

По таблице 83, 192 образцов из 254 образца rs 5918 были генотипированы, что составило 75.59%. Частота аллеля T составило 88%, 338 аллелей, из них в основной группе 89%, 245 аллелей, в контрольной группе 86%, 93 аллелей следовательно. Аллелей C было в общем 12%, то есть 46 аллелей, в основной 11%, 31 аллель и в контрольной группе 14%, 15 аллелей. Частота генотипа rs5918 представлена в таблице 84.

Таблица 84 – Частота генотипа rs5918 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C/C	7	0.04	3	0.06	4	0.03
T/C	32	0.17	9	0.17	23	0.17
T/T	153	0.8	42	0.78	111	0.8
NA	62	---	37	---	25	---

По таблице 84, частота генотипа rs 5918 по гомозиготному типу соответствовал (C/C) 4% в общем, то есть 7 генотипов, из них в основной группе 3%, 4 генотипа, в контрольной группе 6%, 3 генотипа. По гетерозиготному типу (T/C) составил 17%, 32 генотипа, из них в основной группе 17%, 23 генотипов, а в контрольной группе 17%, 9 генотипов.

Гомозиготный генотип (Т/Т) соответствовал 80%, соответственно 153 генотипов, из них в основной группе 80%, 111 генотипов, а в контрольной группе 78%, 42 генотипов соответственно. В таблице 85 указан rs5918 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 85 – rs5918 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=192)

Генотип	Т/Т	Т/С	С/С	Т	С	P-value
Обе группы	153	32	7	338	46	0.008
Контрольная группа	42	9	3	93	15	0.049
Основная группа	111	23	4	245	31	0.068

В соответствии таблице 85, по точному тесту генотипы и аллели rs 5918 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. В таблице 86 представлена ассоциация rs5918 с моделями наследования.

Таблица 86 – Ассоциация rs5918 с моделями наследования (n=192)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	Т/Т	42 (77.8%)	111 (80.4%)	1.00	0.7
	С/Т	9 (16.7%)	23 (16.7%)	0.97 (0.41-2.26)	
	С/С	3 (5.6%)	4 (2.9%)	0.50 (0.11-2.35)	
Доминантный	Т/Т	42 (77.8%)	111 (80.4%)	1.00	0.68
	С/Т-С/С	12 (22.2%)	27 (19.6%)	0.85 (0.40-1.83)	
Рецессивный	Т/Т-С/Т	51 (94.4%)	134 (97.1%)	1.00	0.4
	С/С	3 (5.6%)	4 (2.9%)	0.51 (0.11-2.35)	
Сверхдоминантный	Т/Т-С/С	45 (83.3%)	115 (83.3%)	1.00	1
	С/Т	9 (16.7%)	23 (16.7%)	1.00 (0.43-2.33)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.82 (0.45-1.49)	0.52

По таблице 86, rs 5918 не ассоциирован с моделями наследования.

SNP: rs1746048

Процент генотипированных образцов: 214/254 (84.25%). Частота аллеля rs1746048 представлена в таблице 87.

Таблица 87 – Частота аллеля rs1746048 (n=214)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
С	275	0.64	81	0.6	194	0.66
Т	153	0.36	55	0.4	98	0.34

По таблице 87, 214 образцов из 254 образца rs 1746048 были генотипированы, что составило 84.25%. Частота аллеля С составило 64%, 275 аллелей, из них в основной группе 66 %, 194 аллелей, в контрольной группе 60%, 81 аллель следовательно. Аллелей Т было в общем 36%, то есть 153

аллелей, в основной 34%, 98 аллелей и в контрольной группе 40%, 55 аллелей. Частота генотипа rs1746048 представлена в таблице 88.

Таблица 88 – Частота генотипа rs1746048 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C/C	93	0.43	25	0.37	68	0.47
C/T	89	0.42	31	0.46	58	0.4
T/T	32	0.15	12	0.18	20	0.14
NA	40	---	23	---	17	---

По таблице 88, частота генотипа rs 1746048 по гомозиготному типу соответствовал (C/C) 43% в общем, то есть 93 генотипа, из них в основной группе 47%, 68 генотипов, в контрольной группе 37%, 25 генотипов. По гетерозиготному типу (C/T) составил 42%, 89 генотипов, из них в основной группе 40%, 58 генотипов, а в контрольной группе 46%, 31 генотип. Гомозиготный генотип (T/T) соответствовал 15%, соответственно 32 генотипа, из них в основной группе 14%, 20 генотипов, а в контрольной группе 18%, 12 генотипов соответственно. В таблице 89 указан rs1746048 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 89 – rs1746048 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=214)

Генотип	C/C	C/T	T/T	C	T	P-value
Обе группы	93	89	32	275	153	0.18
Контрольная группа	25	31	12	81	55	0.62
Основная группа	68	58	20	194	98	0.2

В соответствии таблицы 89, по точному тесту генотипы и аллели rs 1746048 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Ассоциация rs1746048 с моделями наследования описана в таблице 90.

Таблица 90 – Ассоциация rs1746048 с моделями наследования (n=214)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	C/C	25 (36.8%)	68 (46.6%)	1.00	0.39
	C/T	31 (45.6%)	58 (39.7%)	0.69 (0.37-1.30)	
	T/T	12 (17.6%)	20 (13.7%)	0.61 (0.26-1.43)	
Доминантный	C/C	25 (36.8%)	68 (46.6%)	1.00	0.18
	C/T-T/T	43 (63.2%)	78 (53.4%)	0.67 (0.37-1.20)	
Рецессивный	C/C-C/T	56 (82.3%)	126 (86.3%)	1.00	0.46
	T/T	12 (17.6%)	20 (13.7%)	0.74 (0.34-1.62)	
Сверхдоминантный	C/C-T/T	37 (54.4%)	88 (60.3%)	1.00	0.42
	C/T	31 (45.6%)	58 (39.7%)	0.79 (0.44-1.41)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.76 (0.51-1.14)	0.19

По таблице 90, rs 1746048 не ассоциирован с моделями наследования.
SNP: rs688034

Процент генотипированных образцов: 202/254 (79.53%). В таблице 91 указана частота аллеля rs688034.

Таблица 91 – Частота аллеля rs688034 (n=202)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C	320	0.79	94	0.76	226	0.81
T	84	0.21	30	0.24	54	0.19

По таблице 91, 202 образца rs 688034 были генотипированы, что составило 79.53%. Частота аллеля C составило 79%, 320 аллелей, из них в основной группе 81%, 226 аллелей, в контрольной группе 76%, 94 аллеля следовательно. Аллелей T было в общем 21% , то есть 84 аллеля, в основной 19%, 54 аллеля и в контрольной группе 24%, 30 аллелей. В таблице 92 указана частота генотипа rs688034.

Таблица 92 – Частота генотипа rs688034 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C/C	125	0.62	36	0.58	89	0.64
C/T	70	0.35	22	0.35	48	0.34
T/T	7	0.03	4	0.06	3	0.02
NA	52	---	29	---	23	---

По таблице 92, частота генотипа rs 688034 по гомозиготному типу соответствовал (C/C) 62% в общем, то есть 125 генотипов, из них в основной группе 64%, 89 генотипов, в контрольной группе 35%, 22 генотипа. По гетерозиготному типу (C/T) составил 35%, 70 генотипов, из них в основной группе 34%, 48 генотипов, а в контрольной группе 35%, 22 генотипа. Гомозиготный генотип (T/T) соответствовал 3%, соответственно 7 генотипов, из них в основной группе 2%, 3 генотипа, а в контрольной группе 6%, 4 генотипа соответственно. В таблице 93 описан rs688034 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 93 – Rs688034 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=202)

Генотип	C/C	C/T	T/T	C	T
Обе группы	125	70	7	320	84
Контрольная группа	36	22	4	94	30
Основная группа	89	48	3	226	54

В таблице 93 указана, что по точному тесту генотипы и аллели rs 688034 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. В таблице 94 представлена ассоциация rs688034 с моделями наследования.

Таблица 94–Ассоциация rs688034 с моделями наследования (n=202)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	C/C	36 (58.1%)	89 (63.6%)	1.00	0.31
	C/T	22 (35.5%)	48 (34.3%)	0.88 (0.47-1.67)	
	T/T	4 (6.5%)	3 (2.1%)	0.30 (0.06-1.42)	
Доминантный	C/C	36 (58.1%)	89 (63.6%)	1.00	0.46
	C/T-T/T	26 (41.9%)	51 (36.4%)	0.79 (0.43-1.46)	
Рецессивный	C/C-C/T	58 (93.5%)	137 (97.9%)	1.00	0.14
	T/T	4 (6.5%)	3 (2.1%)	0.32 (0.07-1.46)	
Сверхдоминантный	C/C-T/T	40 (64.5%)	92 (65.7%)	1.00	0.87
	C/T	22 (35.5%)	48 (34.3%)	0.95 (0.51-1.77)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.74 (0.44-1.24)	0.25

По таблице 94, rs 688034 не ассоциирован с моделями наследования.
SNP: rs5361

Процент генотипированных образцов: 175/254 (68.9%). Частота аллеля rs5361 представлена в таблице 95.

Таблица 95 – Частота аллеля rs5361 (n=175)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
T	319	0.91	87	0.93	232	0.91
G	31	0.09	7	0.07	24	0.09

По таблице 95, 175 образцов из 254 образца rs 5361 были генотипированы, что составило 68.9%. Частота аллеля T составил 91%, 319 аллелей, из них в основной группе 91%, 232 аллелей, в контрольной группе 93%, 87 аллелей следовательно. Аллелей G было в общем 9%, то есть 31 аллель, в основной 9%, 24 аллеля и в контрольной группе 7%, 7 аллелей. Частота генотипа rs5361 представлена в таблице 96.

Таблица 96 – Частота генотипа rs5361 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
G/G	3	0.02	1	0.02	2	0.02
T/G	25	0.14	5	0.11	20	0.16
T/T	147	0.84	41	0.87	106	0.83
NA	79	---	44	---	35	---

По таблице 96, частота генотипа rs 5361 по гомозиготному типу соответствовал (G/G) 2% в общем, то есть 3 генотипа, из них в основной группе 2%, 2 генотипа, в контрольной группе 2 %, 1 генотип. По гетерозиготному типу (T/G) составил 14%, 25 генотипа, из них в основной группе 16 %, 20 генотипов, а в контрольной группе 11% 5 генотипов. Гомозиготный генотип (T/T) соответствовал 84%, соответственно 147 генотипов, из них в основной группе 83%, 106 генотипов, а в контрольной группе 87%, 41 генотип соответственно. В таблице 97 представлен rs5361 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 97 – rs5361 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=175)

Генотип	T/T	T/G	G/G	T	G	P-value
Обе группы	147	25	3	319	31	0.13
Контрольная группа	41	5	1	87	7	0.21
Основная группа	106	20	2	232	24	0.3

В таблице 97 видно, что по точному тесту генотипы и аллели rs 5361 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Ассоциация rs5361 с моделями наследования указана в таблице 98.

Таблица 98 – Ассоциация rs5361 с моделями наследования (n=175)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	T/T	41 (87.2%)	106 (82.8%)	1.00	0.68
	G/T	5 (10.6%)	20 (15.6%)	1.55 (0.54-4.40)	
	G/G	1 (2.1%)	2 (1.6%)	0.77 (0.07-8.76)	
Доминантный	T/T	41 (87.2%)	106 (82.8%)	1.00	0.47
	G/T-G/G	6 (12.8%)	22 (17.2%)	1.42 (0.54-3.75)	
Рецессивный	T/T-G/T	46 (97.9%)	126 (98.4%)	1.00	0.8
	G/G	1 (2.1%)	2 (1.6%)	0.73 (0.06-8.25)	
Сверхдоминантный	T/T-G/G	42 (89.4%)	108 (84.4%)	1.00	0.39
	G/T	5 (10.6%)	20 (15.6%)	1.56 (0.55-4.41)	
Лог-аддитивный	---	---	---	1.25 (0.54-2.89)	0.59

По таблице 98, rs 5361 не ассоциирован с моделями наследования.

SNP: rs6922269

Процент генотипированных образцов: 187/254 (73.62%). В таблице 99 указана частота аллеля rs6922269.

Таблица 99 – Частота аллеля rs6922269 (n=187)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
G	299	0.8	80	0.78	219	0.81
A	75	0.2	22	0.22	53	0.19

По таблице 99, 187 образцов из 254 образца rs 6922269 были генотипированы, что составило 73,62%. Частота аллеля G составило 80%, 299 аллелей, из них в основной группе 81%, 219 аллелей, в контрольной группе 78%, 80 аллелей следовательно. Аллелей А было в общем 20%, то есть 75 аллелей, в основной 19%, 53 аллелей и в контрольной группе 22%, 22 аллелей. В таблице 100 указана частота генотипа rs6922269.

Таблица 100 – Частота генотипа rs6922269 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A/A	17	0.09	4	0.08	13	0.1
G/A	41	0.22	14	0.27	27	0.2
G/G	129	0.69	33	0.65	96	0.71
NA	67	---	40	---	27	---

По таблице 100, частота генотипа rs 6922269 по гомозиготному типу соответствовал (A/A) 9% в общем, то есть 17 генотипа, из них в основной группе 10%, 13 генотипа, в контрольной группе 8%, 4 генотипа. По гетерозиготному типу (G/A) составил 22%, 41 генотип, из них в основной группе 20%, 27 генотипов, а в контрольной группе 27% 14 генотипов. Гомозиготный генотип (G/G) соответствовал 69%, соответственно 129 генотипов, из них в основной группе 71%, 96 генотипов, а в контрольной группе 65%, 33 генотипов соответственно. В таблице 101 представлен rs6922269 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 101 – rs6922269 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга

Генотип	G/G	G/A	A/A	G	A	P-value
Обе группы	129	41	17	299	75	<0.0001
Контрольная группа	33	14	4	80	22	0.21
Основная группа	96	27	13	219	53	<0.0001

В таблице 101 указано, что по точному тесту генотипы и аллели rs 6922269 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. В таблице 102 описана ассоциация rs6922269 с моделями наследования.

Таблица 102 – Ассоциация rs6922269 с моделями наследования (n=187)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
	2	3	4	5	6
Кодоминантный	G/G	33 (64.7%)	96 (70.6%)	1.00	0.54
	A/G	14 (27.4%)	27 (19.9%)	0.66 (0.31-1.41)	
	A/A	4 (7.8%)	13 (9.6%)	1.12 (0.34-3.67)	
Доминантный	G/G	33 (64.7%)	96 (70.6%)	1.00	0.44
	A/G-A/A	18 (35.3%)	40 (29.4%)	0.76 (0.39-1.51)	

Продолжение таблицы 102

1	2	3	4	5	6
Рецессивный	G/G-A/G	47 (92.2%)	123 (90.4%)	1.00	0.71
	A/A	4 (7.8%)	13 (9.6%)	1.24 (0.39-4.00)	
Сверхдоминантный	G/G-A/A	37 (72.5%)	109 (80.2%)	1.00	0.27
	A/G	14 (27.4%)	27 (19.9%)	0.65 (0.31-1.38)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.91 (0.56-1.48)	0.7

По таблице 102, rs 6922269 не ассоциирован с моделями наследования.

Таким образом, с риском развития сердечно-сосудистых событий ассоциированы следующие гены биомаркеров системы гемостаза:

1. *Rs 6025 (F5)* ассоциированы со следующими моделями: кодоминантный (C/T, ОШ=0.29 (0.11-0.79), p=0.044), доминантный (C/T-T/T, ОШ=0.37 (0.17-0.83), p=0.018), сверхдоминантный (C/T, ОШ=0.31 (0.11-0.84), p=0.024), ОШ меньше 1, это можно утверждать при наличии данных генотипов риск уменьшается.

2. *Rs 1800787 (FGB)* ассоциирован со следующими моделями: кодоминантный (T/T, ОШ=0.27 (0.11-0.66), p=0.016), доминантный (C/T-T/T, ОШ=0.45 (0.22-0.90), p=0.022), рецессивный (T/T, ОШ=0.33 (0.14-0.74), p=0.008), логаддитивный (ОШ=0.53 (0.34-0.82), p=0.004), ОШ меньше 1, это можно утверждать как, при наличии данных генотипов риск уменьшается.

3. *Rs 1799983 (CKAP5;F2)* ассоциированы со следующими моделями: кодоминантный (G/T, ОШ= 0.36 (0.20-0.65), T/T ОШ=0.11 (0.02-0.62), p=0.001), доминантный (G/T-T/T, ОШ=0.33 (0.18-0.60), p=0.001), сверхдоминантный (G/T, ОШ=0.42 (0.24-0.75), p=0.003), логаддитивный (ОШ=0.35 (0.21-0.60), p=0.001), ОШ меньше 1, это можно утверждать как, при наличии данных генотипов риск уменьшается.

3.2.3 Гены биомаркеров липидного обмена, связанных с сердечно-сосудистыми событиями

SNP:rs183130

Процент генотипированных образцов: 201/254 (79.13%). Частота аллеля rs183130 представлена в таблице 103.

Таблица 103 – Частота аллеля rs183130 (n=201)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C	290	0.72	76	0.63	214	0.76
T	112	0.28	44	0.37	68	0.24

По таблице 103 видно, что процент генотипированных образцов rs183130 составило 79,13 %, то есть 201 образцов из 254. Частота аллеля C составило 72%, из них в основной группе 76%, в контрольной группе 63%. Аллель T

составил в общем 28%, в основной группе 24 и 37% в контрольной группе соответственно. Частота генотипа rs183130 представлена в таблице 104.

Таблица 104 – Частота генотипа rs183130 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C/C	101	0.5	23	0.38	78	0.55
C/T	88	0.44	30	0.5	58	0.41
T/T	12	0.06	7	0.12	5	0.04
NA	53	---	31	---	22	---

По таблице 104, частота генотипа rs183130 по гомозиготному типу соответствовал (C/C) 50% в общем, то есть 101 образцов, из них в основной группе 55%, 78 образцов, в контрольной группе 38%, 23 образцов. По гетерозиготному типу (C/T) составил 44%, 88 образца, из них в основной группе 41%, 58 образца, а в контрольной группе 50%, 30 образца. Гомозиготный генотип (T/T) соответствовал 6%, соответственно 12 образца, из них в основной группе 4%, 5 образца, а в контрольной группе 12%, 7 образца соответственно. Оставшиеся 53 образца не идентифицированы, из них 22 образца в основной группе, 31 образцов были из контрольной группы. В таблице 105 описан rs183130 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 105 – rs183130 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=201)

Генотип	C/C	C/T	T/T	C	T	P-value
Обе группы	101	88	12	290	112	0.29
Контрольная группа	23	30	7	76	44	0.78
Основная группа	78	58	5	214	68	0.17

В таблице 105 указано, что по точному тесту генотипы и аллели rs 183130 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. В таблице 106 описана ассоциация rs183130 с моделями наследования.

Таблица 106 – Ассоциация rs183130 с моделями наследования (n=201)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	C/C	23 (38.3%)	78 (55.3%)	1.00	0.024
	C/T	30 (50%)	58 (41.1%)	0.57 (0.30-1.08)	
	T/T	7 (11.7%)	5 (3.5%)	0.21 (0.06-0.73)	
Доминантный	C/C	23 (38.3%)	78 (55.3%)	1.00	0.027
	C/T-T/T	37 (61.7%)	63 (44.7%)	0.50 (0.27-0.93)	
Рецессивный	C/C-C/T	53 (88.3%)	136 (96.5%)	1.00	0.034
	T/T	7 (11.7%)	5 (3.5%)	0.28 (0.08-0.92)	
Сверхдоминантный	C/C-T/T	30 (50%)	83 (58.9%)	1.00	0.25
	C/T	30 (50%)	58 (41.1%)	0.70 (0.38-1.28)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.51 (0.31-0.84)	0.007

По таблице 106, Rs 183130 ассоциированы со следующими моделями наследования: кодоминантный (Т/Т, ОШ=0.21 (0.06-0.73), p=0.024), доминантный (С/Т-Т/Т, ОШ=0.50 (0.27-0.93), p=0.024), рецессивный (Т/Т, ОШ=0.50 (0.27-0.93), p=0.034), логаддитивный (ОШ=0.51 (0.31-0.84), p=0.007), ОШ меньше 1, это можно утверждать как, при наличии данных генотипов риск уменьшается.

SNP:rs183130

Процент генотипированных образцов: 201/254 (79.13%). В таблице 107 представлена частота аллеля rs183130.

Таблица 107 – Частота аллеля rs183130 (n=201)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
С	290	0.72	76	0.63	214	0.76
Т	112	0.28	44	0.37	68	0.24

По таблице 107, процент генотипированных образцов rs183130 составило 79,13%, то есть 201 образцов из 254. Частота аллеля С составило 72%, из них в основной группе 76%, в контрольной группе 63%. Аллель Т составил в общем 28%, в основной группе 24 и 37% в контрольной группе соответственно. В таблице 108 описана частота генотипа rs183130.

Таблица 108 – Частота генотипа rs183130 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
С/С	101	0.5	23	0.38	78	0.55
С/Т	88	0.44	30	0.5	58	0.41
Т/Т	12	0.06	7	0.12	5	0.04
NA	53	---	31	---	22	---

По таблице 108, частота генотипа rs183130 по гомозиготному типу соответствовал (С/С) 50% в общем, то есть 101 образцов, из них в основной группе 55%, 78 образцов, в контрольной группе 38%, 23 образцов. По гетерозиготному типу (С/Т) составил 44%, 88 образца, из них в основной группе 41%, 58 образца, а в контрольной группе 50%, 30 образца. Гомозиготный генотип (Т/Т) соответствовал 6%, соответственно 12 образца, из них в основной группе 4%, 5 образца, а в контрольной группе 12%, 7 образца соответственно. Оставшиеся 53 образца не идентифицированы, из них 22 образца в основной группе, 31 образцов были из контрольной группы. В таблице 109 указан rs183130 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 109 – rs183130 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=201)

Генотип	C/C	C/T	T/T	C	T	P-value
Обе группы	101	88	12	290	112	0.29
Контрольная группа	23	30	7	76	44	0.78
Основная группа	78	58	5	214	68	0.17

По таблице 109, по точному тесту генотипы и аллели rs 183130 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. В таблице 110 представлена ассоциация rs183130 с моделями наследования.

Таблица 110 – Ассоциация rs183130 с моделями наследования (n=201)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	C/C	23 (38.3%)	78 (55.3%)	1.00	0.024
	C/T	30 (50%)	58 (41.1%)	0.57 (0.30-1.08)	
	T/T	7 (11.7%)	5 (3.5%)	0.21 (0.06-0.73)	
Доминантный	C/C	23 (38.3%)	78 (55.3%)	1.00	0.027
	C/T-T/T	37 (61.7%)	63 (44.7%)	0.50 (0.27-0.93)	
Рецессивный	C/C-C/T	53 (88.3%)	136 (96.5%)	1.00	0.034
	T/T	7 (11.7%)	5 (3.5%)	0.28 (0.08-0.92)	
Сверхдоминантный	C/C-T/T	30 (50%)	83 (58.9%)	1.00	0.25
	C/T	30 (50%)	58 (41.1%)	0.70 (0.38-1.28)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.51 (0.31-0.84)	0.007

В соответствии таблицы 110, rs 183130 ассоциированы со следующими моделями наследования: кодоминантный (T/T, ОШ= 0.21 (0.06-0.73), p=0.024), доминантный (C/T-T/T, ОШ=0.50 (0.27-0.93), p=0.024), рецессивный (T/T, ОШ=0.50 (0.27-0.93), p=0.034), логаддитивный (ОШ=0.51 (0.31-0.84), p=0.007), ОШ меньше 1, это можно утверждать как, при наличии данных генотипов риск уменьшается.

SNP: rs1800588

Процент генотипированных образцов: 187/254 (73.62%). В таблице 111 указана частота аллеля rs1800588.

Таблица 111 – Частота аллеля rs1800588 (n=187)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C	237	0.63	64	0.64	173	0.63
T	137	0.37	36	0.36	101	0.37

В таблице 111, 187 образцов из 254 образца rs 1800588 были генотипированы, что составило 73,62%. Частота аллеля C составило 63%, 237 аллелей, из них в основной группе 63%, 173 аллелей, в контрольной группе также 64%, 64 аллелей следовательно. Аллелей T было в общем 37%, то есть

137 аллелей, в основной 37%, 101 аллелей и в контрольной группе 36%, 36 аллелей. В таблице 112 описана частота генотипа rs1800588.

Таблица 112 – Частота генотипа rs1800588 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C/C	77	0.41	22	0.44	55	0.4
C/T	83	0.44	20	0.4	63	0.46
T/T	27	0.14	8	0.16	19	0.14
NA	67	---	41	---	26	---

В таблице 112 частота генотипа rs 1800588 по гомозиготному типу соответствовал (C/C) 41% в общем, то есть 77 генотипа, из них в основной группе 40%, 55 генотипа, в контрольной группе 44%, 22 генотипа. По гетерозиготному типу (C/T) составил 44%, 83 генотипа, из них в основной группе 46%, 63 генотипов, а в контрольной группе 40% 20 генотипов. Гомозиготный генотип (T/T) соответствовал 14%, соответственно 27 генотипов, из них в основной группе 14%, 19 генотипов, а в контрольной группе 16%, 8 генотипов соответственно. В таблице 113 указан rs1800588 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 113 – rs1800588 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=187)

Генотип	C/C	C/T	T/T	C	T	P-value
Обе группы	77	83	27	237	137	0.53
Контрольная группа	22	20	8	64	36	0.36
Основная группа	55	63	19	173	101	0.86

В таблице 113 по точному тесту генотипы и аллели rs 1800588 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. В таблице 114 представлена ассоциация rs1800588 с моделями наследования.

Таблица 114 – Ассоциация rs1800588 с моделями наследования (n=187)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	C/C	22 (44%)	55 (40.1%)	1.00	0.76
	C/T	20 (40%)	63 (46%)	1.26 (0.62-2.55)	
	T/T	8 (16%)	19 (13.9%)	0.95 (0.36-2.49)	
Доминантный	C/C	22 (44%)	55 (40.1%)	1.00	0.64
	C/T-T/T	28 (56%)	82 (59.9%)	1.17 (0.61-2.25)	
Рецессивный	C/C-C/T	42 (84%)	118 (86.1%)	1.00	0.72
	T/T	8 (16%)	19 (13.9%)	0.85 (0.34-2.08)	
Сверхдоминантный	C/C-T/T	30 (60%)	74 (54%)	1.00	0.46
	C/T	20 (40%)	63 (46%)	1.28 (0.66-2.47)	
Лог-аддитивный	---	---	---	1.04 (0.65-1.65)	0.88

По таблице 114 rs 1800588 не ассоциирован с моделями наследования.
SNP: rs3843763

Процент генотипированных образцов: 219/254 (86.22%). В таблице 115 представлена частота аллеля rs3843763.

Таблица 115 – Частота аллеля rs3843763 (n=219)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C	317	0.72	107	0.76	210	0.7
T	121	0.28	33	0.24	88	0.3

В таблице 115, 219 образцов из 254 образца rs 3843763 были генотипированы, что составило 86,22%. Частота аллеля C составило 72%, 317 аллелей, из них в основной группе 70%, 210 аллелей, в контрольной группе также 76%, 107 аллелей следовательно. Аллелей T было в общем 28%, то есть 121 аллелей, в основной 30%, 88 аллелей и в контрольной группе 24%, 33 аллелей. В таблице 116 представлена частота генотипа rs 3843763.

Таблица 116 – Частота генотипа rs3843763 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C/C	110	0.5	41	0.59	69	0.46
C/T	97	0.44	25	0.36	72	0.48
T/T	12	0.05	4	0.06	8	0.05
NA	35	---	21	---	14	---

В таблице 116, частота генотипа rs 3843763 по гомозиготному типу соответствовал (C/C) 50% в общем, то есть 110 генотипа, из них в основной группе 46%, 69 генотипа, в контрольной группе 59%, 41 генотипа. По гетерозиготному типу (C/T) составил 44%, 97 генотипа, из них в основной группе 48%, 72 генотипов, а в контрольной группе 36% 25 генотипов. Гомозиготный генотип (T/T) соответствовал 5% , соответственно 12 генотипов, из них в основной группе 5%, 8 генотипов, а в контрольной группе 6%, 4 генотипов соответственно. В таблице 117 представлен точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 117 – Точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=219)

Генотип	C/C	C/T	T/T	C	T	P-value
Обе группы	110	97	12	317	121	0.13
Контрольная группа	41	25	4	107	33	1
Основная группа	69	72	8	210	88	0.075

В таблице 117 по точному тесту генотипы и аллели rs3843763 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. В таблице 118 представлена ассоциация rs3843763 с моделями наследования.

Таблица 118 – Ассоциация rs3843763 с моделями наследования (n=219)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	C/C	41 (58.6%)	69 (46.3%)	1.00	0.2
	C/T	25 (35.7%)	72 (48.3%)	1.71 (0.94-3.11)	
	T/T	4 (5.7%)	8 (5.4%)	1.19 (0.34-4.19)	
Доминантный	C/C	41 (58.6%)	69 (46.3%)	1.00	0.09
	C/T-T/T	29 (41.4%)	80 (53.7%)	1.64 (0.92-2.91)	
Рецессивный	C/C-C/T	66 (94.3%)	141 (94.6%)	1.00	0.92
	T/T	4 (5.7%)	8 (5.4%)	0.94 (0.27-3.22)	
Сверхдоминантный	C/C-T/T	45 (64.3%)	77 (51.7%)	1.00	0.078
	C/T	25 (35.7%)	72 (48.3%)	1.68 (0.94-3.02)	
Лог-аддитивный	---	---	---	1.41 (0.86-2.30)	0.16

По таблице 118, rs 3843763 не ассоциирован с моделями наследования.
SNP: rs 268

Процент генотипированных образцов: 200/254 (78.74%). Частота аллеля rs 268 описана в таблице 119.

Таблица 119 – Частота аллеля rs 268 (n=200)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A	340	0.85	89	0.73	251	0.9
G	60	0.15	33	0.27	27	0.1

В таблице 119, 200 образцов из 254 образца rs 268 были генотипированы, что составило 78,74%. Частота аллеля А составило 85%, 340 аллелей, из них в основной группе 90%, 251 аллелей, в контрольной группе 73%, 89 аллелей следовательно. Аллелей G было в общем 15%, то есть 60 аллелей, в основной 10%, 27 аллелей и в контрольной группе 73%, 89 аллелей. В таблице 120 указана частота генотипа rs 268.

Таблица 120 – Частота генотипа rs 268 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A/A	146	0.73	32	0.52	114	0.82
A/G	48	0.24	25	0.41	23	0.17
G/G	6	0.03	4	0.07	2	0.01
NA	54	---	30	---	24	---

В таблице 120, частота генотипа rs 268 по гомозиготному типу соответствовал (A/A) 73% в общем, то есть 146 генотипов, из них в основной группе 82%, 114 генотипов, в контрольной группе 52%, 32 генотипа. По гетерозиготному типу (A/G) составил 24%, 48 генотипа, из них в основной группе 17%, 23 генотипов, а в контрольной группе 41% 25 генотипов. Гомозиготный генотип (G/G) соответствовал 3%, соответственно 6 генотипов, из них в основной группе 1%, 2 генотипа, а в контрольной группе 7%, 4 генотипов соответственно. В таблице 121 указан rs 268 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 121 – Rs 268 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=200)

Генотип	A/A	A/G	G/G	A	G	P-value
Обе группы	146	48	6	340	60	0.4
Контрольная группа	32	25	4	89	33	1
Основная группа	114	23	2	251	27	0.62

В таблице 121 по точному тесту генотипы и аллели rs 268 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Ассоциация rs268 с моделями наследования представлена в таблице 122.

Таблица 122 – Ассоциация rs268 с моделями наследования (n=200)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	A/A	32 (52.5%)	114 (82%)	1.00	<0.0001
	A/G	25 (41%)	23 (16.6%)	0.26 (0.13-0.51)	
	G/G	4 (6.6%)	2 (1.4%)	0.14 (0.02-0.80)	
Доминантный	A/A	32 (52.5%)	114 (82%)	1.00	<0.0001
	A/G-G/G	29 (47.5%)	25 (18%)	0.24 (0.12-0.47)	
Рецессивный	A/A-A/G	57 (93.4%)	137 (98.6%)	1.00	0.064
	G/G	4 (6.6%)	2 (1.4%)	0.21 (0.04-1.17)	
Сверхдоминантный	A/A-G/G	36 (59%)	116 (83.5%)	1.00	<0.0001
	A/G	25 (41%)	23 (16.6%)	0.29 (0.14-0.56)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.29 (0.16-0.53)	<0.0001

По таблице 122, rs 268 ассоциированы со следующими моделями наследования: кодоминантный (A/G, ОШ= 0.26 (0.13-0.51), G/G, 0.14 (0.02-0.80), $p < 0.0001$), доминантный (A/G-G/G, ОШ=0.24 (0.12-0.47), $p < 0.0001$), сверхдоминантный (A/A-G/G, ОШ=0.29 (0.14-0.56), $p < 0.0001$), логаддитивный (ОШ=0.29 (0.16-0.53), $p < 0.0001$), ОШ меньше 1, это можно утверждать как, при наличии данных генотипов риск развития кардиоваскулярных событий уменьшается.

SNP: rs326

Процент генотипированных образцов: 202/254 (79.53%). Частота аллеля rs 326 представлена в таблице 123.

Таблица 123 – Частота аллеля rs 326 (n=202)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A	322	0.8	101	0.8	221	0.79
G	82	0.2	25	0.2	57	0.21

По таблице 123, 202 образцов из 254 образца rs 326 были генотипированы, что составило 79.53%. Частота аллеля А составило 80%, 322 аллеля, из них в основной группе 79%, 221 аллель, в контрольной группе 80%, 101 аллель следовательно. Аллелей G было в общем 20%, то есть 82 аллелей, в основной 21%, 57 аллелей и в контрольной группе 20%, 57 аллелей. Частота генотипа rs 326 представлена в таблице 124.

Таблица 124 – Частота генотипа rs 326 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A/A	135	0.67	45	0.71	90	0.65
A/G	52	0.26	11	0.17	41	0.29
G/G	15	0.07	7	0.11	8	0.06
NA	52	---	28	---	24	---

По таблице 124 Частота генотипа rs 326 по гомозиготному типу соответствовал (A/A) 67% в общем, то есть 135 генотипа, из них в основной группе 65%, 90 генотипов, в контрольной группе 71%, 45 генотипов. По гетерозиготному типу (A/G) составил 26%, 52 генотипа, из них в основной группе 29%, 41 генотип, а в контрольной группе 17%, 11 генотипов. Гомозиготный генотип (G/G) соответствовал 7%, соответственно 15 генотипов, из них в основной группе 6%, 8 генотипов, а в контрольной группе 11%, 7 генотипов соответственно. В таблице 125 представлен rs326 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 125 – rs326 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=202)

Генотип	A/A	A/G	G/G	A	G	P-value
Обе группы	135	52	15	322	82	0.007
Контрольная группа	45	11	7	101	25	0.001
Основная группа	90	41	8	221	57	0.29

В соответствии таблицы 125, по точному тесту генотипы и аллели rs 326 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Ассоциация rs 326 с моделями наследования представлена в таблице 126.

Таблица 126 – Ассоциация rs 326 с моделями наследования (n=202)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	A/A	45 (71.4%)	90 (64.8%)	1.00	0.11
	A/G	11 (17.5%)	41 (29.5%)	1.86 (0.88-3.97)	
	G/G	7 (11.1%)	8 (5.8%)	0.57 (0.19-1.68)	
Доминантный	A/A	45 (71.4%)	90 (64.8%)	1.00	0.35
	A/G-G/G	18 (28.6%)	49 (35.2%)	1.36 (0.71-2.60)	
Рецессивный	A/A-A/G	56 (88.9%)	131 (94.2%)	1.00	0.19
	G/G	7 (11.1%)	8 (5.8%)	0.49 (0.17-1.41)	
Сверхдоминантный	A/A-G/G	52 (82.5%)	98 (70.5%)	1.00	0.063
	A/G	11 (17.5%)	41 (29.5%)	1.98 (0.94-4.17)	
Лог-аддитивный	---	---	---	1.03 (0.64-1.67)	0.89

По таблице 126 rs 326 не ассоциирован с моделями наследования.

SNP: rs17465637

Процент генотипированных образцов: 178/254 (70.08%). В таблице 127 представлена частота аллеля rs 17465637.

Таблица 127 – Частота аллеля rs 17465637 (n=178)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A	208	0.58	60	0.67	148	0.56
C	148	0.42	30	0.33	118	0.44

По таблице 127 процент генотипированных образцов rs 17465637 составило 70,08%, то есть 178 образцов из 254. Частота аллеля А rs 5370 составило 58%, из них в основной группе 56% и в контрольной группе 67% соответственно. Аллель С составило в общем 42%, в основной группе 44 и 33% в контрольной группе. В таблице 128 представлена частота генотипа rs 17465637.

Таблица 128 – Частота генотипа rs 17465637 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A/A	41	0.23	20	0.44	21	0.16
A/C	126	0.71	20	0.44	106	0.8
C/C	11	0.06	5	0.11	6	0.05
NA	76	---	46	---	30	---

В таблице 128 частота генотипа rs 17465637 по гомозиготному типу соответствовал (A/A) 23% в общем, из них в основной группе 16%, в контрольной группе 44%. По гетерозиготному типу (A/C) составил 71%, из них в основной группе 80%, а в контрольной группе 44%. Гомозиготный генотип (C/C) соответствовал 6%, в основной группе 5%, в контрольной группе 11%

соответственно. В таблице 129 представлен rs17465637 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 129 – rs17465637 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга

Генотип	AA	AC	CC	A	C	P-value
Обе группы	41	126	11	208	148	<0.0001
Контрольная группа	20	20	5	60	30	1
Основная группа	21	106	6	148	118	<0.0001

В соответствии таблицы 129, по точному тесту генотипы и аллели rs17465637 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Ассоциация rs17465637 с моделями наследования представлена в таблице 130.

Таблица 130 – Ассоциация rs17465637 с моделями наследования (n=178)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	A/A	20 (44.4%)	21 (15.8%)	1.00	0,0001
	A/C	20 (44.4%)	106 (79.7%)	5.05 (2.32-10.98)	
	C/C	5 (11.1%)	6 (4.5%)	1.14 (0.30-4.35)	
Доминантный	A/A	20 (44.4%)	21 (15.8%)	1.00	0,0002
	A/C-C/C	25 (55.6%)	112 (84.2%)	4.27 (2.01-9.04)	
Рецессивный	A/A-A/C	40 (88.9%)	127 (95.5%)	1.00	0.13
	C/C	5 (11.1%)	6 (4.5%)	0.38 (0.11-1.30)	
Сверхдоминантный	A/A-C/C	25 (55.6%)	27 (20.3%)	1.00	<0.000
	A/C	20 (44.4%)	106 (79.7%)	4.91 (2.38-10.12)	1
Лог-аддитивный	---	---	---	2.32 (1.19-4.55)	0.013

По таблице 130, rs17465637 ассоциирован с моделями наследования, такими как, кодоминантный в 5,05 раз по генотипу A/C, доминантный 4,27 раз по генотипу A/C,C/C, сверхдоминантный 4,91 раз по генотипу A/C, а также лог-аддитивный 2,32 раза. Данные статистически значимы, так как $p \leq 0,05$, 95% доверительный интервал не содержит 1.

SNP: rs2229616

Процент генотипированных образцов: 195/254 (76.77%). В таблице 131 представлена частота аллеля rs2229616.

Таблица 131 – Частота аллеля rs2229616 (n=195)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C	314	0.81	76	0.68	238	0.86
T	76	0.19	36	0.32	40	0.14

По таблице 131 процент генотипированных образцов rs2229616 составило 76,77%, то есть 195 образцов из 254. Частота аллеля C - 81%, из них в основной группе 86% и в контрольной группе 68% следовательно. Аллель T в общем

30%, из них в основной 14 и 32% в контрольной группе соответственно. В таблице 132 представлен rs2229616 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 132 – rs2229616 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=195)

Генотип	СС	СТ	ТТ	С	Т	P-value
Обе группы	127	60	8	314	76	0.82
Контрольная группа	24	28	4	76	36	0.37
Основная группа	103	32	4	238	40	0.48

В таблице 132 по точному тесту генотипы и аллели rs2229616 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Ассоциация rs2229616 с моделями наследования представлен в таблице 133.

Таблица 133 – Ассоциация rs2229616 с моделями наследования (n=195)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	С/С	24 (42.9%)	103 (74.1%)	1.00	<0.0001
	С/Т	28 (50%)	32 (23%)	0.27 (0.14-0.52)	
	Т/Т	4 (7.1%)	4 (2.9%)	0.23 (0.05-1.00)	
Доминантный	С/С	24 (42.9%)	103 (74.1%)	1.00	<0.0001
	С/Т-Т/Т	32 (57.1%)	36 (25.9%)	0.26 (0.14-0.50)	
Рецессивный	С/С-С/Т	52 (92.9%)	135 (97.1%)	1.00	0.2
	Т/Т	4 (7.1%)	4 (2.9%)	0.39 (0.09-1.60)	
Сверхдоминантный	С/С-Т/Т	28 (50%)	107 (77%)	1.00	<0.0001
	С/Т	28 (50%)	32 (23%)	0.30 (0.16-0.58)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.35 (0.20-0.60)	<0.0001

По таблице 133 rs 2229616 ассоциированы со следующими моделями наследования: кодоминантный (С/Т, ОШ=0.27 (0.14-0.52), p=<0.0001), доминантный (С/Т-Т/Т, ОШ=0.26 (0.14-0.50), p=<0.0001), сверхдоминантный (С/Т, ОШ=0.30 (0.16-0.58), p=<0.0001), логаддитивный (ОШ=0.35 (0.20-0.60), p=<0.0001), ОШ меньше 1, это можно утверждать как, при наличии данных генотипов риск уменьшается.

SNP: rs501120

Процент генотипированных образцов: 184/254 (72.44%). Частота аллеля rs501120 представлен в таблице 134.

Таблица 134 – Частота аллеля rs501120 (n=184)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
Т	226	0.61	57	0.65	169	0.60
С	142	0.39	31	0.35	111	0.40

По таблице 134, 184 образцов из 254 образца rs 501120 были генотипированы, что составило 72,44%. Частота аллеля Т составило 61%, 226 аллелей, из них в основной группе 60%, 169 аллелей, в контрольной группе 65%, 57 аллелей следовательно. Аллелей С было в общем 39%, то есть 142 аллелей, в основной 40%, 111 аллелей и в контрольной группе 35%, 31 аллелей. Частота генотипа rs501120 представлена в таблице 135.

Таблица 135 – Частота генотипа rs501120 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C/C	31	0.17	5	0.11	26	0,19
T/C	80	0.43	21	0.48	59	0,42
T/T	73	0.4	18	0.41	55	0,39
NA	70	---	47	---	23	---

По таблице 135, частота генотипа rs 501120 по гомозиготному типу соответствовал (C/C) 17% в общем, то есть 31 генотипа, из них в основной группе 19%, 26 генотипа, в контрольной группе 11%, 5 генотипов. По гетерозиготному типу (T/C) составил 43%, 80 генотипа, из них в основной группе 42%, 59 генотипов, а в контрольной группе 48% 21 генотипов. Гомозиготный генотип (T/T) соответствовал 40%, соответственно 73 генотипов, из них в основной группе 39%, 55 генотипов, а в контрольной группе 41%, 18 генотипов соответственно. В таблице 136 представлен rs501120 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 136 – rs501120 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=184)

Генотип	T/T	T/C	C/C	T	C	P-value
Обе группы	73	80	31	226	142	0.001
Контрольная группа	18	21	5	57	31	0.001
Основная группа	55	59	26	169	111	0.001

В таблице 136 по точному тесту генотипы и аллели rs 501120 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Ассоциация rs501120 с моделями наследования представлена в таблице 137.

Таблица 137 – Ассоциация rs501120 с моделями наследования (n=184)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
1	2	3	4	5	6
Кодоминантный	T/T	18 (40.9%)	55 (39.3%)	1.00	0.5
	C/T	21 (47.7%)	59 (42.1%)	0.92 (0.44-1.91)	
	C/C	5 (11.4%)	26 (18.6%)	1.70 (0.57-5.09)	

Продолжение таблицы 137

1	2	3	4	5	6
Доминантный	T/T	18 (40.9%)	55 (39.3%)	1.00	0.85
	C/T-C/C	26 (59.1%)	85 (60.7%)	1.07 (0.54-2.13)	
Рецессивный	T/T-C/T	39 (88.6%)	114 (81.4%)	1.00	0.25
	C/C	5 (11.4%)	26 (18.6%)	1.78 (0.64-4.95)	
Сверхдоминантный	T/T-C/C	23 (52.3%)	81 (57.9%)	1.00	0.52
	C/T	21 (47.7%)	59 (42.1%)	0.80 (0.40-1.57)	
Лог-аддитивный	---	---	---	1.19 (0.74-1.93)	0.47

По таблице 137 rs 501120 не ассоциирован с моделями.

SNP: rs2230500

Процент генотипированных образцов: 189/254 (74.41%). В таблице 138 представлена частота аллеля rs2230500.

Таблица 138 – Частота аллеля rs2230500 (n=189)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
G	348	0.92	101	0.94	247	0.91
A	30	0.08	7	0.06	23	0.09

В таблице 138, 189 образцов из 254 образца rs 2230500 были генотипированы, что составило 74,41%. Частота аллеля С составило 92%, 348 аллелей, из них в основной группе 91%, 247 аллелей, в контрольной группе 94%, 101 аллелей следовательно. Аллелей А было в общем 8%, то есть 30 аллелей, в основной 9%, 23 аллелей и в контрольной группе 6%, 7 аллелей. Частота генотипа rs2230500 указана в таблице 139.

Таблица 139 – Частота генотипа rs2230500 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A/A	10	0.05	3	0.06	7	0.05
G/A	10	0.05	1	0.02	9	0.07
G/G	169	0.89	50	0.93	119	0.88
NA	65	---	37	---	28	---

В таблице 139 частота генотипа rs 2230500 по гомозиготному типу соответствовал (A/A) 5% в общем, то есть 10 генотипов, из них в основной группе 5%, 7 генотипов, в контрольной группе 6%, 3 генотипа. По гетерозиготному типу (G/A) составил 5%, 10 генотипов, из них в основной группе 7%, 9 генотипов, а в контрольной группе 2% 1 генотип. Гомозиготный генотип (G/G) соответствовал 89 % , соответственно 169 генотипов, из них в основной группе 88%, 119 генотипов, а в контрольной группе 93%, 50 генотипов соответственно. 65 генотипов не были идентифицированы. В

таблице 140 представлен rs2230500 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 140 – rs2230500 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=189)

Генотип	G/G	G/A	A/A	G	A	P-value
Обе группы	169	10	10	348	30	<0.0001
Контрольная группа	50	1	3	101	7	<0.0001
Основная группа	119	9	7	247	23	<0.0001

В таблице 140 по точному тесту генотипы и аллели rs 2230500 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Ассоциация rs2230500 с моделями наследования указана в таблице 141.

Таблица 141 – Ассоциация rs2230500 с моделями наследования (n=189)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	G/G	50 (92.6%)	119 (88.2%)	1.00	0.34
	A/G	1 (1.8%)	9 (6.7%)	3.78 (0.47-30.64)	
	A/A	3 (5.6%)	7 (5.2%)	0.98 (0.24-3.95)	
Доминантный	G/G	50 (92.6%)	119 (88.2%)	1.00	0.35
	A/G-A/A	4 (7.4%)	16 (11.8%)	1.68 (0.54-5.28)	
Рецессивный	G/G-A/G	51 (94.4%)	128 (94.8%)	1.00	0.92
	A/A	3 (5.6%)	7 (5.2%)	0.93 (0.23-3.74)	
Сверхдоминантный	G/G-A/A	53 (98.2%)	126 (93.3%)	1.00	0.14
	A/G	1 (1.8%)	9 (6.7%)	3.79 (0.47-30.63)	
Лог-аддитивный	---	---	---	1.20 (0.60-2.39)	0.6

По данным таблицы 141 rs 2230500 не ассоциирован с моделями наследования.

SNP: rs2516839

Процент генотипированных образцов: 212/254 (83.46%). Частота аллеля rs2516839 указана в таблице 142.

Таблица 142 – Частота аллеля rs2516839 (n=212)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C	264	0.62	87	0.62	177	0.62
T	160	0.38	53	0.38	107	0.38

В таблице 142, 212 образцов из 254 образца rs 2516839 были генотипированы, что составило 83,46%. Частота аллеля C составило 62%, 264 аллелей, из них в основной группе 62%, 177 аллелей, в контрольной группе также 62%, 87 аллелей следовательно. Аллелей T было в общем 38%, то есть

160 аллелей, в основной 38%, 107 аллелей и в контрольной группе также 38%, 53 аллелей. Частота генотипа rs2516839 указана в таблице 143.

Таблица 143 – Частота генотипа rs2516839 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C/C	65	0.31	20	0.29	45	0.32
C/T	134	0.63	47	0.67	87	0.61
T/T	13	0.06	3	0.04	10	0.07
NA	42	---	21	---	21	---

По данным таблицы 143, частота генотипа rs 2516839 по гомозиготному типу соответствовал (C/C) 31% в общем, то есть 65 генотипов, из них в основной группе 32%, 45 генотипов, в контрольной группе 29%, 20 генотипов. По гетерозиготному типу (C/T) составил 63%, 134 генотипа, из них в основной группе 61%, 87 генотипов, а в контрольной группе 67% 47 генотипов. Гомозиготный генотип (T/T) соответствовал 6% , соответственно 13 генотипов, из них в основной группе 7%, 10 генотипов, а в контрольной группе 4%, 3 генотипа соответственно. В таблице 144 описана rs2516839 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 144 – rs2516839 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=212)

Генотип	C/C	C/T	T/T	C	T	P-value
Обе группы	65	134	13	264	160	<0.0001
Контрольная группа	20	47	3	87	53	0.000
Основная группа	45	87	10	177	107	0.000

В таблице 144, по точному тесту генотипы и аллели rs 2516839 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Ассоциация rs2516839 с моделями наследования представлен в таблице 145.

Таблица 145 – Ассоциация rs2516839 с моделями наследования (n=212)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	C/C	20 (28.6%)	45 (31.7%)	1.00	0.6
	C/T	47 (67.1%)	87 (61.3%)	0.82 (0.44-1.55)	
	T/T	3 (4.3%)	10 (7%)	1.48 (0.37-5.97)	
Доминантный	C/C	20 (28.6%)	45 (31.7%)	1.00	0.64
	C/T-T/T	50 (71.4%)	97 (68.3%)	0.86 (0.46-1.62)	
Рецессивный	C/C-C/T	67 (95.7%)	132 (93%)	1.00	0.42
	T/T	3 (4.3%)	10 (7%)	1.69 (0.45-6.35)	
Сверхдоминантный	C/C-T/T	23 (32.9%)	55 (38.7%)	1.00	0.4
	C/T	47 (67.1%)	87 (61.3%)	0.77 (0.42-1.41)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.99 (0.59-1.66)	0.96

По данным таблицы 145, rs 2516839 не ассоциирован с моделями наследования.

SNP: rs2943634

Процент генотипированных образцов: 181/254 (71.26%). В таблице 146 представлена частота аллеля rs2943634.

Таблица 146 – Частота аллеля rs2943634 (n=181)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C	259	0.72	56	0.64	203	0.74
A	103	0.28	32	0.36	71	0.26

По данным таблицы 146, 181 образец из 254 образца rs 2943634 были генотипированы, что составило 71,26%. Частота аллеля C составило 72%, 259 аллелей, из них в основной группе 74%, 203 аллелей, в контрольной группе 64%, 56 аллелей следовательно. Аллелей A было в общем 28%, то есть 103 аллелей, в основной 26%, 71 аллелей и в контрольной группе 36%, 32 аллелей. В таблице 147 представлена частота генотипа rs2943634.

Таблица 147 – Частота генотипа rs2943634 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A/A	17	0.09	11	0.25	6	0.04
C/A	69	0.38	10	0.23	59	0.43
C/C	95	0.52	23	0.52	72	0.53
NA	73	---	47	---	26	---

По данным таблицы 147, частота генотипа rs 2943634 по гомозиготному типу соответствовал (A/A) 9% в общем, то есть 17 генотипов, из них в основной группе 4%, 6 генотипов, в контрольной группе 25%, 11 генотипов. По гетерозиготному типу (C/A) составил 38%, 69 генотипов, из них в основной группе 43%, 59 генотипов, а в контрольной группе 23% 10 генотипов. Гомозиготный генотип (C/C) соответствовал 52%, соответственно 95 генотипов, из них в основной группе 53%, 72 генотипов, а в контрольной группе 52%, 23 генотипов соответственно. В таблице 148 описан rs2943634 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 148 – rs2943634 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=181)

Генотип	C/C	C/A	A/A	C	A	P-value
Обе группы	95	69	17	259	103	0.37
Контрольная группа	23	10	11	56	32	0.000
Основная группа	72	59	6	203	71	0.19

В таблице 148 по точному тесту генотипы и аллели rs 2943634 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Ассоциация rs2943634 с моделями наследования расположена в таблице 149.

Таблица 149 – Ассоциация rs2943634 с моделями наследования (n=181)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	C/C	23 (52.3%)	72 (52.5%)	1.00	0.001
	A/C	10 (22.7%)	59 (43.1%)	1.88 (0.83-4.27)	
	A/A	11 (25%)	6 (4.4%)	0.17 (0.06-0.52)	
Доминантный	C/C	23 (52.3%)	72 (52.5%)	1.00	0.97
	A/C-A/A	21 (47.7%)	65 (47.5%)	0.99 (0.50-1.95)	
Рецессивный	C/C-A/C	33 (75%)	131 (95.6%)	1.00	0.001
	A/A	11 (25%)	6 (4.4%)	0.14 (0.05-0.40)	
Сверхдоминантный	C/C-A/A	34 (77.3%)	78 (56.9%)	1.00	0.013
	A/C	10 (22.7%)	59 (43.1%)	2.57 (1.18-5.62)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.63 (0.38-1.04)	0.071

По данным таблицы 149, rs 2943634 ассоциированы со следующими моделями наследования: кодоминантный (A/A, ОШ= 0.17 (0.06-0.52), p=0.001), рецессивный (A/A, ОШ=0.14 (0.05-0.40), p=0.001), ОШ меньше 1, это можно утверждать как, при наличии данных генотипов риск уменьшается. Однако, при сверхдоминантной модели наследования обнаружен гетерзиготный генотип (A/C ОШ=2.57 (1.18-5.62), p=0.013). Учитывая что при данной модели ОШ более 1, можно полагать, что риск увеличивается на 2,57 раз.

SNP: rs599839

Процент генотипированных образцов: 173/254 (68.11%). В таблице 150 представлены данные о частоте аллеля rs599839.

Таблица 150 – Частота аллеля rs599839 (n=173)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A	249	0.72	56	0.62	193	0.75
G	97	0.28	34	0.38	63	0.25

По данным таблицы 150, 173 образцов из 254 образца rs 599839 были генотипированы, что составило 68,11%. Частота аллеля А составило 72%, 249 аллелей, из них в основной группе 75%, 193 аллелей, в контрольной группе 62%, 56 аллелей следовательно. Аллелей G было в общем 28%, то есть 97 аллелей, в основной 25%, 63 аллелей и в контрольной группе 38%, 34 аллелей. В таблице 151 представлена частота генотипа rs599839.

Таблица 151 – Частота генотипа rs599839 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A/A	96	0.55	22	0.49	74	0.58
A/G	57	0.33	12	0.27	45	0.35
G/G	20	0.12	11	0.24	9	0.07
NA	81	---	46	---	35	---

По таблице 151, частота генотипа rs 599839 по гомозиготному типу соответствовал (A/A) 55% в общем, то есть 96 генотипов, из них в основной группе 58%, 74 генотипов, в контрольной группе 49%, 22 генотипа. По гетерозиготному типу (A/G) составил 33%, 57 генотипа, из них в основной группе 35%, 45 генотипов, а в контрольной группе 27% 12 генотипов. Гомозиготный генотип (G/G) соответствовал 12%, соответственно 20 генотипов, из них в основной группе 7%, 9 генотипов, а в контрольной группе 24%, 11 генотипов соответственно. В таблице 152 представлен rs599839 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 152 – rs599839 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=173)

Генотип	A/A	A/G	G/G	A	G	P-value
Обе группы	96	57	20	249	97	0.022
Контрольная группа	22	12	11	56	34	0.004
Основная группа	74	45	9	193	63	0.63

По данным таблицы 152, по точному тесту генотипы и аллели rs 599839 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. В таблице 153 представлена ассоциация rs599839 с моделями наследования.

Таблица 153 – Ассоциация rs599839 с моделями наследования (n=173)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	A/A	22 (48.9%)	74 (57.8%)	1.00	0.012
	A/G	12 (26.7%)	45 (35.2%)	1.11 (0.50-2.47)	
	G/G	11 (24.4%)	9 (7%)	0.24 (0.09-0.66)	
Доминантный	A/A	22 (48.9%)	74 (57.8%)	1.00	0.3
	A/G-G/G	23 (51.1%)	54 (42.2%)	0.70 (0.35-1.38)	
Рецессивный	A/A-A/G	34 (75.6%)	119 (93%)	1.00	0.003
	G/G	11 (24.4%)	9 (7%)	0.23 (0.09-0.61)	
Сверхдоминантный	A/A-G/G	33 (73.3%)	83 (64.8%)	1.00	0.29
	A/G	12 (26.7%)	45 (35.2%)	1.49 (0.70-3.17)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.59 (0.37-0.95)	0.031

По таблице 153, rs 599839 ассоциированы со следующими моделями наследования: кодоминантный (G/G, ОШ=0.24 (0.09-0.66), p=0.012), рецессивный (G/G, ОШ=0.23 (0.09-0.61), p=0.003), логаддитивный (ОШ=0.59

(0.37-0.95), $p=0.031$), ОШ меньше 1, это можно утверждать как, при наличии данных генотипов риск уменьшается.

SNP: rs5443

Процент генотипированных образцов: 222/254 (87.4%). В таблице 154 расположена частота аллеля rs 5443.

Таблица 154 – Частота аллеля rs 5443 (n=222)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
С	248	0.56	83	0.58	165	0.55
Т	196	0.44	59	0.42	137	0.45

В соответствии таблицы 154, 222 образца из 254 образца rs 5443 были генотипированы, что составило 87,4%. Частота аллеля С составило 56%, 248 аллелей, из них в основной группе 55%, 165 аллелей, в контрольной группе 58%, 83 аллелей следовательно. Аллелей Т было в общем 44%, то есть 196 аллелей, в основной 45%, 137 аллелей и в контрольной группе 42%, 59 аллелей. В таблице 155 представлена частота генотипа rs 5443.

Таблица 155 – Частота генотипа rs5443 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
С/С	73	0.33	27	0.38	46	0.3
С/Т	102	0.46	29	0.41	73	0.48
Т/Т	47	0.21	15	0.21	32	0.21
NA	32	---	20	---	12	---

По данным таблицы 155, Частота генотипа rs 5443 по гомозиготному типу соответствовал (С/С) 33% в общем, то есть 73 генотипов, из них в основной группе 30%, 46 генотипов, в контрольной группе 38%, 27 генотипов. По гетерозиготному типу (С/Т) составил 46%, 102 генотипа, из них в основной группе 48%, 73 генотипов, а в контрольной группе 41% 29 генотипов. Гомозиготный генотип (Т/Т) соответствовал 21%, соответственно 47 генотипов, из них в основной группе 21%, 32 генотипов, а в контрольной группе 21%, 15 генотипов соответственно. В таблице 156 представлен rs5443 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 156 – rs5443 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=222)

Генотип	С/С	С/Т	Т/Т	С	Т	P-value
Обе группы	73	102	47	248	196	0.34
Контрольная группа	27	29	15	83	59	0.22
Основная группа	46	73	32	165	137	0.75

В таблице 156 по точному тесту генотипы и аллели rs 5443 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Ассоциация rs 5443 с моделями наследования представлена в таблице 157.

Таблица 157 – Ассоциация rs 5443 с моделями наследования (n=222)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	C/C	27 (38%)	46 (30.5%)	1.00	0.49
	C/T	29 (40.9%)	73 (48.3%)	1.48 (0.78-2.80)	
	T/T	15 (21.1%)	32 (21.2%)	1.25 (0.58-2.72)	
Доминантный	C/C	27 (38%)	46 (30.5%)	1.00	0.27
	C/T-T/T	44 (62%)	105 (69.5%)	1.40 (0.78-2.53)	
Рецессивный	C/C-C/T	56 (78.9%)	119 (78.8%)	1.00	0.99
	T/T	15 (21.1%)	32 (21.2%)	1.00 (0.50-2.00)	
Сверхдоминантный	C/C-T/T	42 (59.1%)	78 (51.7%)	1.00	0.29
	C/T	29 (40.9%)	73 (48.3%)	1.36 (0.77-2.40)	
Лог-аддитивный	---	---	---	1.16 (0.78-1.71)	0.46

По таблице 157, rs 5443 не ассоциирован с моделями наследования.
SNP: rs1042714

Процент генотипированных образцов: 197/254 (77.56%). В таблице 158 указана частота аллеля rs1042714.

Таблица 158 – Частота аллеля rs1042714 (n=197)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C	254	0.64	61	0.55	193	0.68
G	140	0.36	49	0.45	91	0.32

По таблице 158, 197 образцов из 254 образца rs 1042714 были генотипированы, что составило 77,56%. Частота аллеля C составило 64%, 254 аллелей, из них в основной группе 68%, 193 аллелей, в контрольной группе также 55%, 61 аллелей следовательно. Аллелей G было в общем 36%, то есть 140 аллелей, в основной 32%, 91 аллелей и в контрольной группе 45%, 49 аллелей. В таблице 159 указана частота генотипа rs1042714.

Таблица 159 – Частота генотипа rs1042714 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C/C	74	0.38	12	0.22	62	0.44
C/G	106	0.54	37	0.67	69	0.49
G/G	17	0.09	6	0.11	11	0.08
NA	57	---	36	---	21	---

По таблице 159, частота генотипа rs 1042714 по гомозиготному типу соответствовал (C/C) 38% в общем, то есть 74 генотипов, из них в основной группе 44 %, 62 генотипа, в контрольной группе 22%, 12 генотипов. По гетерозиготному типу (C/G) составил 54%, 106 генотипов, из них в основной группе 49%, 69 генотипов, а в контрольной группе 67% 37 генотипов. Гомозиготный генотип (G/G) соответствовал 9%, соответственно 17 генотипов, из них в основной группе 8%, 11 генотипов, а в контрольной группе 11%, 6 генотипов соответственно. В таблице 160 указана rs1042714 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 160 – rs1042714 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=197)

Генотип	C/C	C/G	G/G	C	G	P-value
Обе группы	74	106	17	254	140	0.019
Контрольная группа	12	37	6	61	49	0.013
Основная группа	62	69	11	193	91	0.25

По таблице 160, по точному тесту генотипы и аллели rs 1042714 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. В таблице 161 указана ассоциация rs1042714 с моделями наследования.

Таблица 161 – Ассоциация rs1042714 с моделями наследования (n=197)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	C/C	12 (21.8%)	62 (43.7%)	1.00	0.014
	C/G	37 (67.3%)	69 (48.6%)	0.36 (0.17-0.75)	
	G/G	6 (10.9%)	11 (7.8%)	0.35 (0.11-1.14)	
Доминантный	C/C	12 (21.8%)	62 (43.7%)	1.00	0.003
	C/G-G/G	43 (78.2%)	80 (56.3%)	0.36 (0.18-0.74)	
Рецессивный	C/C-C/G	49 (89.1%)	131 (92.2%)	1.00	0.49
	G/G	6 (10.9%)	11 (7.8%)	0.69 (0.24-1.95)	
Сверхдоминантный	C/C-G/G	18 (32.7%)	73 (51.4%)	1.00	0.017
	C/G	37 (67.3%)	69 (48.6%)	0.46 (0.24-0.88)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.51 (0.31-0.86)	0.01

В таблице 161, rs1042714 (ADRB2) ассоциированы со следующими моделями наследования: кодоминантный (C/G, ОШ= 0.36 (0.17-0.75), p=0.014), доминантный (C/G-G/G, ОШ=0.36 (0.18-0.74), p=0.003), сверхдоминантный (C/G, ОШ=0.46 (0.24-0.88), p=0.017), логаддитивный (ОШ=0.51 (0.31-0.86), p=0.01), ОШ меньше 1, это можно утверждать как, при наличии данных генотипов риск уменьшается.

SNP: rs8055236

Процент генотипированных образцов: 196/254 (77.17%). В таблице 162 указана частота аллеля rs8055236.

Таблица 162 – Частота аллеля rs8055236 (n=196)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
G	295	0.75	80	0.73	215	0.76
T	97	0.25	30	0.27	67	0.24

По таблице 162, 196 образцов из 254 образца rs 8055236 были генотипированы, что составило 77,17%. Частота аллеля G составило 75%, 295 аллелей, из них в основной группе 76%, 215 аллелей, в контрольной группе 73%, 80 аллелей следовательно. Аллелей T было в общем 25%, то есть 97 аллелей, в основной 24%, 67 аллелей и в контрольной группе 27%, 30 аллелей. В таблице 163 указана частота генотипа rs8055236.

Таблица 163 – Частота генотипа rs8055236 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
G/G	123	0.63	34	0.62	89	0.63
G/T	49	0.25	12	0.22	37	0.26
T/T	24	0.12	9	0.16	15	0.11
NA	58	---	36	---	22	---

По данным таблицы 163, частота генотипа rs 8055236 по гомозиготному типу соответствовал (G/G) 63% в общем, то есть 123 генотипа, из них в основной группе 63%, 89 генотипов, в контрольной группе 62%, 34 генотипа. По гетерозиготному типу (G/T) составил 25%, 49 генотипа, из них в основной группе 26%, 37 генотипов, а в контрольной группе 22% 12 генотипов. Гомозиготный генотип (T/T) соответствовал 12%, соответственно 24 генотипов, из них в основной группе 11%, 15 генотипов, а в контрольной группе 16%, 9 генотипов соответственно. В таблице 164 указан rs8055236 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 164 – rs8055236 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=196)

Генотип	G/G	G/T	T/T	G	T	P-value
Обе группы	123	49	24	295	97	<0.0001
Контрольная группа	34	12	9	80	30	0.001
Основная группа	89	37	15	215	67	0.001

В таблице 164, по точному тесту генотипы и аллели rs 8055236 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Ассоциация rs8055236 с моделями наследования указана в таблице 165.

Таблица 165 – Ассоциация rs8055236 с моделями наследования (n=196)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	G/G	34 (61.8%)	89 (63.1%)	1.00	0.51
	G/T	12 (21.8%)	37 (26.2%)	1.18 (0.55-2.52)	
	T/T	9 (16.4%)	15 (10.6%)	0.64 (0.25-1.59)	
Доминантный	G/G	34 (61.8%)	89 (63.1%)	1.00	0.87
	G/T-T/T	21 (38.2%)	52 (36.9%)	0.95 (0.50-1.80)	
Рецессивный	G/G-G/T	46 (83.6%)	126 (89.4%)	1.00	0.28
	T/T	9 (16.4%)	15 (10.6%)	0.61 (0.25-1.49)	
Сверхдоминантный	G/G-T/T	43 (78.2%)	104 (73.8%)	1.00	0.52
	G/T	12 (21.8%)	37 (26.2%)	1.27 (0.61-2.68)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.87 (0.56-1.34)	0.53

По данным таблицы 165, rs 8055236 не ассоциирован с моделями наследования.

SNP: rs2774279

Процент генотипированных образцов: 208/254 (81.89%). В таблице 166 указана частота аллеля rs2774279.

Таблица 166 – Частота аллеля rs2774279 (n=208)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C	343	0.82	102	0.85	241	0.81
T	73	0.18	18	0.15	55	0.19

По таблице 166, 208 образцов из 254 образца rs 2774279 были генотипированы, что составило 81.89%. Частота аллеля C составило 82%, 343 аллелей, из них в основной группе 81%, 241 аллель, в контрольной группе 85%, 102 аллеля следовательно. Аллелей T было в общем 18%, то есть 73 аллелей, в основной 19%, 55 аллелей и в контрольной группе 15%, 18 аллелей. В таблице 167 указана частота генотипа rs2774279.

Таблица 167 – Частота генотипа rs2774279 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C/C	140	0.67	42	0.7	98	0.66
C/T	63	0.3	18	0.3	45	0.3
T/T	5	0.02	0	0	5	0.03
NA	46	---	31	---	15	---

По таблице 167, частота генотипа rs 2774279 по гомозиготному типу соответствовал (C/C) 67% в общем, то есть 140 генотипов, из них в основной группе 66%, 98 генотипов, в контрольной группе 70%, 42 генотипа. По гетерозиготному типу (C/T) составил 30%, 63 генотипа, из них в основной

группе 30%, 45 генотипов, а в контрольной группе также 30% 18 генотипов. Гомозиготный генотип (Т/Т) соответствовал 2%, соответственно 5 генотипов, из них в основной группе 3%, 5 генотипов, а в контрольной группе генотипов не было обнаружено. В таблице 168 указан rs2774279 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 168 – rs2774279 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=208)

Генотип	С/С	С/Т	Т/Т	С	Т	P-value
Обе группы	140	63	5	343	73	0.64
Контрольная группа	42	18	0	102	18	0.33
Основная группа	98	45	5	241	55	1

В таблице 168, по точному тесту генотипы и аллели rs 2774279 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Ассоциация rs2774279 с моделями наследования расположена в таблице 169.

Таблица 169 – Ассоциация rs2774279 с моделями наследования (n=208)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	С/С	42 (70%)	98 (66.2%)	1.00	0.17
	С/Т	18 (30%)	45 (30.4%)	1.07 (0.56-2.06)	
	Т/Т	0 (0%)	5 (3.4%)	NA (0.00-NA)	
Доминантный	С/С	42 (70%)	98 (66.2%)	1.00	0.6
	С/Т-Т/Т	18 (30%)	50 (33.8%)	1.19 (0.62-2.28)	
Рецессивный	С/С-С/Т	60 (100%)	143 (96.6%)	1.00	0.063
	Т/Т	0 (0%)	5 (3.4%)	NA (0.00-NA)	
Сверхдоминантный	С/С-Т/Т	42 (70%)	103 (69.6%)	1.00	0.95
	С/Т	18 (30%)	45 (30.4%)	1.02 (0.53-1.96)	
Лог-аддитивный	---	---	---	1.31 (0.72-2.37)	0.37

По таблице 169, rs 2774279 не ассоциирован с моделями наследования.
SNP: rs2073658

Процент генотипированных образцов: 151/254 (59.45%). Частота аллеля rs2073658 указана в таблице 170.

Таблица 170 – Частота аллеля rs2073658 (n=151)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
С	240	0.79	63	0.77	177	0.8
Т	62	0.21	19	0.23	43	0.2

По данным таблицы 170, 151 образцов из 254 образца rs 2073658 были генотипированы, что составило 59.45%. Частота аллеля С составило 79%, 240 аллелей, из них в основной группе 80%, 177 аллелей, в контрольной группе 77%, 63 аллеля следовательно. Аллелей Т было в общем 21% , то есть 62

аллеля, в основной 20 %, 43 аллеля и в контрольной группе 23%, 19 аллелей. В таблице 171 указан частота генотипа rs2073658.

Таблица 171 – Частота генотипа rs2073658 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C/C	93	0.62	25	0.61	68	0.62
C/T	54	0.36	13	0.32	41	0.37
T/T	4	0.03	3	0.07	1	0.01
NA	103	---	50	---	53	---

По таблице 171, частота генотипа rs 2073658 по гомозиготному типу соответствовал (C/C) 62% в общем, то есть 93 генотипа, из них в основной группе 62%, 68 генотипов, в контрольной группе 61%, 25 генотипов. По гетерозиготному типу (C/T) составил 36%, 54 генотипа, из них в основной группе 37%, 41 генотип, а в контрольной группе 32% 13 генотипов. Гомозиготный генотип (T/T) соответствовал 3%, соответственно 4 генотипа, из них в основной группе 1%, 1 генотип, а в контрольной группе 7%, 3 генотипа соответственно. 103 генотипа не были идентифицированы, из них 53 в основной группе, 50 в контрольной группе. В таблице 172 указан rs2073658 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 172 – rs2073658 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=151)

Генотип	C/C	C/T	T/T	C	T	P-value
Обе группы	93	54	4	240	62	0.32
Контрольная группа	25	13	3	63	19	0.42
Основная группа	68	41	1	177	43	0.069

По данным таблицы 172, по точному тесту генотипы и аллели rs 2073658 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. В таблице 173 указана ассоциация rs2073658 с моделями наследования.

Таблица 173 – Ассоциация rs2073658 с моделями наследования (n=151)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	C/C	25 (61%)	68 (61.8%)	1.00	0.12
	T/C	13 (31.7%)	41 (37.3%)	1.16 (0.53-2.51)	
	T/T	3 (7.3%)	1 (0.9%)	0.12 (0.01-1.23)	
Доминантный	C/C	25 (61%)	68 (61.8%)	1.00	0.92
	T/C-T/T	16 (39%)	42 (38.2%)	0.97 (0.46-2.01)	
Рецессивный	C/C-T/C	38 (92.7%)	109 (99.1%)	1.00	0.043
	T/T	3 (7.3%)	1 (0.9%)	0.12 (0.01-1.15)	
Сверхдоминантный	C/C-T/T	28 (68.3%)	69 (62.7%)	1.00	0.52
	T/C	13 (31.7%)	41 (37.3%)	1.28 (0.60-2.74)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.79 (0.41-1.50)	0.47

По таблице 173, rs 2073658 не ассоциирован с моделями.

SNP: rs11206510

Процент генотипированных образцов: 195/254 (76.77%). В таблице 174 указана частота аллеля rs11206510.

Таблица 174 – Частота аллеля rs11206510 (n=195)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
T	337	0.86	89	0.86	248	0.87
C	53	0.14	15	0.14	38	0.13

По таблице 174, 195 образцов из 254 образца rs 11206510 были генотипированы, что составило 76.77%. Частота аллеля T составило 86%, 337 аллелей, из них в основной группе 87%, 248 аллелей, в контрольной группе 86%, 89 аллелей следовательно. Аллелей C было в общем 14%, то есть 53 аллелей, в основной 13%, 38 аллелей и в контрольной группе 14%, 15 аллелей. В таблице 175 указана частота генотипа rs11206510.

Таблица 175 – Частота генотипа rs11206510 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C/C	10	0.05	3	0.06	7	0.05
T/C	33	0.17	9	0.17	24	0.17
T/T	152	0.78	40	0.77	112	0.78
NA	59	---	39	---	20	---

По данным таблицы 175, частота генотипа rs 11206510 по гомозиготному типу соответствовал (C/C) 5% в общем, то есть 10 генотипов, из них в основной группе 5%, 7 генотипов, в контрольной группе 6%, 3 генотипа. По гетерозиготному типу (T/C) составил 17%, 33 генотипа, из них в основной группе 17%, 24 генотипа, а в контрольной группе также 17%, 9 генотипов. Гомозиготный генотип (T/T) соответствовал 78%, соответственно 152 генотипа, из них в основной группе 78%, 112 генотипов, а в контрольной группе 77%, 40 генотипов соответственно. В таблице 176 расположены данные rs11206510 точного теста для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 176 – rs11206510 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=195)

Генотип	T/T	T/C	C/C	T	C	P-value
Обе группы	152	33	10	337	53	0.000
Контрольная группа	40	9	3	89	15	0.054
Основная группа	112	24	7	248	38	0.003

По данным таблицы 176, по точному тесту генотипы и аллели rs 11206510 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. В таблице 177 указана ассоциация rs11206510 с моделями наследования.

Таблица 177 – Ассоциация rs11206510 с моделями наследования (n=195)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	T/T	40 (76.9%)	112 (78.3%)	1.00	0.96
	C/T	9 (17.3%)	24 (16.8%)	0.95 (0.41-2.22)	
	C/C	3 (5.8%)	7 (4.9%)	0.83 (0.21-3.38)	
Доминантный	T/T	40 (76.9%)	112 (78.3%)	1.00	0.84
	C/T-C/C	12 (23.1%)	31 (21.7%)	0.92 (0.43-1.97)	
Рецессивный	T/T-C/T	49 (94.2%)	136 (95.1%)	1.00	0.81
	C/C	3 (5.8%)	7 (4.9%)	0.84 (0.21-3.38)	
Сверхдоминантный	T/T-C/C	43 (82.7%)	119 (83.2%)	1.00	0.93
	C/T	9 (17.3%)	24 (16.8%)	0.96 (0.42-2.24)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.93 (0.53-1.64)	0.8

По данным таблицы 177, rs 11206510 не ассоциирован с моделями.

Таким образом, следующие гены биомаркеров липидного обмена, связанных с сердечно-сосудистыми событиями:

1. *Rs 183130 (CETP)* ассоциированы со следующими моделями: кодоминантный (T/T, ОШ= 0.21 (0.06-0.73), p=0.024), доминантный (C/T-T/T, ОШ=0.50 (0.27-0.93), p=0.024), рецессивный (T/T, ОШ=0.50 (0.27-0.93), p=0.034), логаддитивный (ОШ=0.51 (0.31-0.84), p=0.007), ОШ меньше 1, это можно утверждать как, при наличии данных генотипов риск уменьшается.

2. *Rs 268 (LPL)* ассоциированы со следующими моделями: кодоминантный (A/G, ОШ=0.26 (0.13-0.51), G/G, 0.14 (0.02-0.80), p=<0.0001), доминантный (A/G-G/G, ОШ=0.24 (0.12-0.47), p=<0.0001), сверхдоминантный (A/G-G/G, ОШ=0.29 (0.14-0.56), p=<0.0001), логаддитивный (ОШ=0.29 (0.16-0.53), p=<0.0001), ОШ меньше 1, это можно утверждать как, при наличии данных генотипов риск развития сердечно-сосудистых событий уменьшается.

3. *Rs 2229616 (MC4R)* ассоциированы со следующими моделями: кодоминантный (C/T, ОШ= 0.27 (0.14-0.52), p=<0.0001), доминантный (C/T-T/T, ОШ=0.26 (0.14-0.50), p=<0.0001), сверхдоминантный (C/T, ОШ=0.30 (0.16-0.58), p=<0.0001), логаддитивный (ОШ=0.35 (0.20-0.60), p=<0.0001), ОШ меньше 1, это можно утверждать как, при наличии данных генотипов риск уменьшается.

4. *Rs 2943634* ассоциированы со следующими моделями: кодоминантный (A/A, ОШ= 0.17 (0.06-0.52), p=0.001), рецессивный (A/A, ОШ=0.14 (0.05-0.40), p=0.001), ОШ меньше 1, это можно утверждать как, при наличии данных генотипов риск уменьшается. Однако, при сверхдоминантной модели наследования обнаружен гетерозиготный генотип (A/C ОШ=2.57 (1.18-5.62), p=0.013). Учитывая что при данной модели ОШ более 1, можно полагать, что риск увеличивается на 2,57 раз.

5. *Rs 599839 (CELSR2;PSRC1)* ассоциированы со следующими моделями: кодоминантный (G/G, ОШ= 0.24 (0.09-0.66), p=0.012), рецессивный (G/G, ОШ=0.23 (0.09-0.61), p=0.003), логаддитивный (ОШ=0.59 (0.37-0.95), p=0.031), ОШ меньше 1, это можно утверждать как, при наличии данных генотипов риск уменьшается.

6. *Rs 1042714 (ADRB2)* ассоциированы со следующими моделями: кодоминантный (C/G, ОШ= 0.36 (0.17-0.75), p=0.014), доминантный (C/G-G/G, ОШ=0.36 (0.18-0.74), p=0.003), сверхдоминантный (C/G, ОШ=0.46 (0.24-0.88), p=0.017), логаддитивный (ОШ=0.51 (0.31-0.86), p=0.01), ОШ меньше 1, это можно утверждать как, при наличии данных генотипов риск уменьшается.

3.2.4 Гены биомаркеров эндотелия, связанных с кардиоваскулярными событиями

SNP: rs383830

Процент генотипированных образцов: 199/254 (78.35%). В таблице 178 указаны данные частоты аллеля rs383830.

Таблица 178 – Частота аллеля rs383830 (n=199)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
T	274	0.69	76	0.69	198	0.69
A	124	0.31	34	0.31	90	0.31

По данным таблицы 178, 199 образцов из 254 образца rs383830 были генотипированы, что составило 78,35%. Частота аллеля T составило 69%, из них в основной группе 69%, 198 аллелей T, в контрольной группе также 69%, 76 аллелей следовательно. Аллелей A было в общем 31%, то есть 124 аллелей соответственно, таким образом в основной и контрольной группе по 31% в каждой. В таблице 179 указана частота генотипа rs383830.

Таблица 179 – Частота генотипа rs383830 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A/A	21	0.11	6	0.11	15	0.1
T/A	82	0.41	22	0.4	60	0.42
T/T	96	0.48	27	0.49	69	0.48
NA	55	---	36	---	19	---

В таблице 179, частота генотипа rs383830 по гомозиготному типу (A/A) составил 11% в общем, то есть 21 генотипов, из них в основной группе 10%, 15 генотипов, в контрольной группе 11%, 6 генотипов. По гетерозиготному типу (T/A) было определено 41%, 82 генотипа, из них в основной группе 42%, 60 генотипов, а в контрольной группе 40%, 22 генотипа. Гомозиготный генотип (T/T) был определен у 48%, то есть 96 генотипов T/T, из них в основной группе

48%, 69 генотипа, а в контрольной группе 49%, 27 генотипов соответственно. Оставшиеся 55 генотипов не были идентифицированы, из них 22 генотипов в основной группе, 36 генотипов в контрольной группы. В таблице 180 указан rs 383830 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 180 – rs 383830 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=199)

Генотип	T/T	T/A	A/A	T	A	P-value
Обе группы	96	82	21	274	124	0.62
Контрольная группа	27	22	6	76	34	0.75
Основная группа	69	60	15	198	90	0.7

В таблице 180, по точному тесту генотипы и аллели rs 383830 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Ассоциация rs383830 с моделями наследования указана в таблице 181.

Таблица 181 – Ассоциация rs383830 с моделями наследования (n=199)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	T/T	27 (49.1%)	69 (47.9%)	1.00	0.98
	A/T	22 (40%)	60 (41.7%)	1.07 (0.55-2.07)	
	A/A	6 (10.9%)	15 (10.4%)	0.98 (0.34-2.78)	
Доминантный	T/T	27 (49.1%)	69 (47.9%)	1.00	0.88
	A/T-A/A	28 (50.9%)	75 (52.1%)	1.05 (0.56-1.95)	
Рецессивный	T/T-A/T	49 (89.1%)	129 (89.6%)	1.00	0.92
	A/A	6 (10.9%)	15 (10.4%)	0.95 (0.35-2.59)	
Сверхдоминантный	T/T-A/A	33 (60%)	84 (58.3%)	1.00	0.83
	A/T	22 (40%)	60 (41.7%)	1.07 (0.57-2.02)	
Лог-аддитивный	---	---	---	1.02 (0.64-1.62)	0.95

По данным таблицы 181, rs 383830 не ассоциирован с моделями.

SNP: rs5370

Процент генотипированных образцов: 210/254 (82.68%). В таблице 182 указаны данные частоты аллеля rs5370.

Таблица 182 – Частота аллеля rs5370 (n=210)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
G	296	0.7	86	0.68	210	0.71
T	124	0.3	40	0.32	84	0.29

В таблице 182, процент генотипированных образцов rs 5370 составило 82,68%, то есть 210 образцов из 254. Частота аллеля G или дикого аллеля rs5370 составило 70%, из них в основной группе 71% и в контрольной группе 68% соответственно. Аллель T составило в общем 30%, в основной группе 29% и 32% в контрольной группе. В таблице 183 указана частота генотипа rs 5370.

Таблица 183 – Частота генотипа rs 5370 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
G/G	104	0.5	28	0.44	76	0.52
G/T	88	0.42	30	0.48	58	0.39
T/T	18	0.09	5	0.08	13	0.09
NA	44	---	28	---	16	---

По данным таблицы 183, частота генотипа rs 5370 по гомозиготному типу соответствовал (G/G) 50% в общем, из них в основной группе 52%, в контрольной группе 44%. По гетерозиготному типу (G/T) составил 30%, из них в основной группе 39%, а в контрольной группе 48%. Гомозиготный мутационной генотип (T/T) соответствовал 9%, в основной группе 9%, в контрольной группе 8% соответственно. В таблице 184 указан rs 5370 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 184 – rs 5370 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=210)

Генотип	GG	GT	TT	G	T	P-value
Обе группы	104	88	18	296	124	1
Контрольная группа	28	30	5	86	40	0.57
Основная группа	76	58	13	210	84	0.69

В таблице 184, по точному тесту генотипы и аллели rs5370 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. В таблице 185 указана ассоциация rs5370 с моделями наследования.

Таблица 185 – Ассоциация rs5370 с моделями наследования (n=210)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	G/G	28 (44.4%)	76 (51.7%)	1.00	0.55
	G/T	30 (47.6%)	58 (39.5%)	0.71 (0.38-1.32)	
	T/T	5 (7.9%)	13 (8.8%)	0.96 (0.31-2.93)	
Доминантный	G/G	28 (44.4%)	76 (51.7%)	1.00	0.33
	G/T-T/T	35 (55.6%)	71 (48.3%)	0.75 (0.41-1.35)	
Рецессивный	G/G-G/T	58 (92.1%)	134 (91.2%)	1.00	0.83
	T/T	5 (7.9%)	13 (8.8%)	1.13 (0.38-3.30)	
Сверхдоминантный	G/G-T/T	33 (52.4%)	89 (60.5%)	1.00	0.27
	G/T	30 (47.6%)	58 (39.5%)	0.72 (0.40-1.30)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.86 (0.55-1.35)	0.51

По данным таблицы 185, rs 5370 не ассоциирован с моделями наследования.

SNP: rs1800779

Процент генотипированных образцов: 206/254 (81,1%). В таблице 186 указана частота аллеля rs1800779.

Таблица 186 – Частота аллеля rs1800779 (n=206)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A	314	0.76	85	0.69	229	0.8
G	98	0.24	39	0.31	59	0.2

По таблице 186, процент генотипированных образцов rs1800779 составило 81,1%, то есть 206 образцов из 254. Частота аллеля А или дикого аллеля rs1800779 гена NOS3 составило 76%, из них в основной группе 80% и в контрольной группе 69%. Аллель G составило в общем 24%, в том числе в основной группе 20% и в контрольной группе - 31%. В таблице 187 указана частота генотипа rs1800779.

Таблица 187 – Частота генотипа rs1800779 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A/A	121	0.59	32	0.52	89	0.62
A/G	72	0.35	21	0.34	51	0.35
G/G	13	0.06	9	0.15	4	0.03
NA	48	---	29	---	19	---

По данным таблицы 187, частота генотипа rs1800779 по гомозиготному типу соответствовал (A/A) 59% в общем, из них в основной группе 62%, в контрольной группе 52%. По гетерозиготному типу (A/G) составил 35%, из них в основной группе 35%, а в контрольной группе 34%. Гомозиготный мутационной генотип (G/G) соответствовал 13%, в основной группе 3%, в контрольной группе 15% соответственно. В таблице 188 указан rs1800779 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 188 – rs1800779 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=206)

Генотип	A/A	A/G	G/G	A	G	P-value
Обе группы	121	72	13	314	98	0.57
Контрольная группа	32	21	9	85		0.14
Основная группа	89	51	4	229	59	0.44

В таблице 188, по точному тесту генотипы и аллели rs1800779 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Ассоциация rs1800779 с моделями наследования указана в таблице 189.

Таблица 189 – Ассоциация rs1800779 с моделями наследования (n=206)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	A/A	32 (51.6%)	89 (61.8%)	1.00	0.009
	A/G	21 (33.9%)	51 (35.4%)	0.87 (0.46-1.67)	
	G/G	9 (14.5%)	4 (2.8%)	0.16 (0.05-0.56)	
Доминантный	A/A	32 (51.6%)	89 (61.8%)	1.00	0.17
	A/G-G/G	30 (48.4%)	55 (38.2%)	0.66 (0.36-1.20)	
Рецессивный	A/A-A/G	53 (85.5%)	140 (97.2%)	1.00	0.002
	G/G	9 (14.5%)	4 (2.8%)	0.17 (0.05-0.57)	
Сверхдоминантный	A/A-G/G	41 (66.1%)	93 (64.6%)	1.00	0.83
	A/G	21 (33.9%)	51 (35.4%)	1.07 (0.57-2.00)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.57 (0.35-0.92)	0.02

По данным таблицы 189, ген NOS3 (rs1800779) ассоциирован со следующими моделями наследования: кодоминантный (G/G, ОШ= 0.16 (0.05-0.56), p=0.009), рецессивный (G/G, ОШ=0.17 (0.05-0.57), p=0.002), логаддитивный (ОШ=0.57 (0.35-0.92), p=0.2), ОШ меньше 1, что позволяет утверждать при наличии данных генотипов, риск развития сердечно-сосудистых осложнений уменьшается.

SNP: rs1800783

Процент генотипированных образцов: 223/254 (87.8%). В таблице 190 указана частота аллеля rs1800783.

Таблица 190 – Частота аллеля rs1800783 (n=223)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
T	322	0.72	111	0.74	211	0.71
A	124	0.28	39	0.26	85	0.29

По таблице 190, процент генотипированных образцов rs 1800783 составило 87, 8%, то есть 223 образца из 254. Частота аллеля T rs1800783 составило 72%, из них в основной группе 71% и в контрольной группе 74%. Аллель A составило в общем 28%, в основной группе 29 и 26% в контрольной группе соответственно. В таблице 191 указана частота генотипа rs1800783.

Таблица 191 – Частота генотипа rs1800783

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A/A	15	0.07	6	0.08	9	0.06
T/A	94	0.42	27	0.36	67	0.45
T/T	114	0.51	42	0.56	72	0.49
NA	31	---	16	---	15	---

По данным таблицы 191, частота генотипа rs 1800783 по гомозиготному типу соответствовал (А/А) 7% в общем, то есть 15 образцов, из них в основной группе 6%, 9 образцов, в контрольной группе 8%, 6 образцов. По гетерозиготному типу (Т/А) составил 42%, 94 образца, из них в основной группе 45%, 67образца, а в контрольной группе 36%, 27 образца. Гомозиготный генотип (Т/Т) соответствовал 51%, соответственно 114 образца, из них в основной группе 49%, 72 образца, а в контрольной группе 56%, 42 образца соответственно. Оставшиеся 31 образца не идентифицированы, из них 15 образцов в основной группе, 16 образцов были из контрольной группы. В таблице 192 указан rs1800783 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 192 – rs1800783 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=223)

Генотип	Т/Т	Т/А	А/А	Т	А	P-value
Обе группы	114	94	15	322	124	0.51
Контрольная группа	42	27	6	111	39	0.56
Основная группа	72	67	9	211	85	0.23

По таблице 192, по точному тесту генотипы и аллели rs 1800783 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. В таблице 193 указана ассоциация rs1800783 с моделями наследования.

Таблица 193 – Ассоциация rs1800783 с моделями наследования (n=223)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	Т/Т	42 (56%)	72 (48.6%)	1.00	0.4
	А/Т	27 (36%)	67 (45.3%)	1.45 (0.80-2.60)	
	А/А	6 (8%)	9 (6.1%)	0.88 (0.29-2.63)	
Доминантный	Т/Т	42 (56%)	72 (48.6%)	1.00	0.3
	А/Т-А/А	33 (44%)	76 (51.4%)	1.34 (0.77-2.35)	
Рецессивный	Т/Т-А/Т	69 (92%)	139 (93.9%)	1.00	0.59
	А/А	6 (8%)	9 (6.1%)	0.74 (0.25-2.18)	
Сверхдоминантный	Т/Т-А/А	48 (64%)	81 (54.7%)	1.00	0.18
	А/Т	27 (36%)	67 (45.3%)	1.47 (0.83-2.61)	
Лог-аддитивный	---	---	---	1.15 (0.73-1.82)	0.53

По таблице 193, rs 1800783 не ассоциирован с моделями.

SNP: rs1051730

Процент генотипированных образцов: 207/254 (81.5%). В таблице 194 указана частота аллеля rs1051730.

Таблица 194 – Частота аллеля rs1051730 (n=207)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
G	297	0.72	89	0.72	208	0.72
A	117	0.28	35	0.28	82	0.28

По таблице 194, 207 образцов из 254 образца rs 1051730 были генотипированы, что составило 81,5%. Частота аллеля G составило 72%, из них в основной группе 72%, 208 аллелей, в контрольной группе также 72%, 89 аллелей следовательно. Аллелей А было в общем 28%, то есть 117 аллелей, в основной и в контрольной группе по 28%. В таблице 195 указана частота генотипа rs 1051730.

Таблица 195 – Частота генотипа rs1051730 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A/A	11	0.05	3	0.05	8	0.06
G/A	95	0.46	29	0.47	66	0.46
G/G	101	0.49	30	0.48	71	0.49
NA	47	---	29	---	18	---

По данным таблицы 195, частота генотипа rs 1051730 по гомозиготному типу соответствовал (A/A) 5% в общем, то есть 11 образцов, из них в основной группе 6%, 8 образцов, в контрольной группе 5%, 3 образцов. По гетерозиготному типу (G/A) составил 46%, 95 образца, из них в основной группе 46%, 66 образца, а в контрольной группе 47%, 29 образца. Гомозиготный генотип (G/G) соответствовал 49%, соответственно 101 образца, из них в основной группе 49%, 71 образца, а в контрольной группе 48%, 30 образца соответственно. В таблице 196 расположен rs1051730 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 196 – rs1051730 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга

Генотип	G/G	G/A	A/A	G	A	P-value
Обе группы	101	95	11	297	117	0.085
Контрольная группа	30	29	3	89	35	0.35
Основная группа	71	66	8	208	82	0.22

По таблицы 196, по точному тесту генотипы и аллели rs 1051730 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. В таблице 197, ассоциация rs1051730 с моделями наследования.

Таблица 197 – Ассоциация rs1051730 с моделями наследования (n=207)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
1	2	3	4	5	6
Кодоминантный	G/G	30 (48.4%)	71 (49%)	1.00	0.97
	A/G	29 (46.8%)	66 (45.5%)	0.96 (0.52-1.77)	
	A/A	3 (4.8%)	8 (5.5%)	1.13 (0.28-4.54)	
Доминантный	G/G	30 (48.4%)	71 (49%)	1.00	0.94
	A/G-A/A	32 (51.6%)	74 (51%)	0.98 (0.54-1.77)	

Продолжение таблицы 197

1	2	3	4	5	6
Рецессивный	G/G-A/G	59 (95.2%)	137 (94.5%)	1.00	0.84
	A/A	3 (4.8%)	8 (5.5%)	1.15 (0.29-4.48)	
Сверхдоминантный	G/G-A/A	33 (53.2%)	79 (54.5%)	1.00	0.87
	A/G	29 (46.8%)	66 (45.5%)	0.95 (0.52-1.73)	
Лог-аддитивный	---	---	---	1.00 (0.61-1.66)	0.99

По данным таблицы 197, rs 1051730 не ассоциирован с моделями.

SNP: rs2383206

Процент генотипированных образцов: 212/254 (83.46%). В таблице 198 расположена частота аллеля rs2383206.

Таблица 198 – Частота аллеля rs 2383206 (n=212)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
G	271	0.64	80	0.62	191	0.64
A	153	0.36	48	0.38	105	0.36

По данным таблицы 198, 212 образцов из 254 образца rs2383206 были генотипированы, что составило 83,46%. Частота аллели G составило 64%, 271 аллелей, из них в основной группе 65%, 191 аллелей, в контрольной группе также 62%, 80 аллелей следовательно. Аллелей А было в общем 36%, то есть 153 аллелей, таким образом в основной 35%, 105 аллелей и в контрольной группе 38%, 48 аллелей. В таблице 199 указана частота генотипа rs 2383206.

Таблица 199 – Частота генотипа rs2383206 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A/A	5	0.02	1	0.02	4	0,03
G/A	143	0.67	46	0.72	97	0,66
G/G	64	0.3	17	0.27	47	0,31
NA	42	---	27	---	15	---

В таблице 199, частота генотипа rs 2383206 по гомозиготному типу соответствовал (A/A) 2% в общем, то есть 5 генотипа, из них в основной группе 3%, 4 генотипа, в контрольной группе 2%, 1 генотип. По гетерозиготному типу (G/A) составил 67%, 143 генотипа, из них в основной группе 66%, 97 генотипов, а в контрольной группе 72% 46 генотипов. Гомозиготный генотип (G/G) соответствовал 30%, соответственно 64 генотипа, из них в основной группе 32%, 47 генотипов, а в контрольной группе 27%, 17 генотипов соответственно. В таблице 200 расположены данные rs2383206 точного теста для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 200 – rs2383206 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=212)

Генотип	G/G	G/A	A/A	G	A	P value
Обе группы	64	143	5	271	153	0.05
Контрольная группа	17	46	1	80	48	0.05
Основная группа	47	97	4	191	105	0.05

В таблице 200, по точному тесту генотипы и аллели rs 2383206 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Ассоциация rs2383206 с моделями наследования указана в таблице 201.

Таблица 201 – Ассоциация rs2383206 с моделями наследования (n=212)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	G/G	17 (26.6%)	47 (31.8%)	1.00	0.63
	A/G	46 (71.9 %)	97 (65.5%)	0.76 (0.40-1.47)	
	A/A	1 (1.6%)	4 (2.7%)	1.45 (0.15-13.87)	
Доминантный	G/G	17 (26.6%)	47 (31.8%)	1.00	0.45
	A/G-A/A	47 (73.4%)	101 (68.2%)	0.78 (0.40-1.49)	
Рецессивный	G/G-A/G	63 (98.4%)	144 (97.3%)	1.00	0.6
	A/A	1 (1.6%)	4 (2.7%)	1.75 (0.19-15.97)	
Сверхдоминантный	G/G-A/A	18 (28.1%)	51 (34.5%)	1.00	0.36
	A/G	46 (71.9%)	97 (65.5%)	0.74 (0.39-1.41)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.85 (0.47-1.54)	0.59

По данным таблицы 201, rs 2383206 не ассоциирован с моделями.

SNP: rs10757278

Процент генотипированных образцов: 169/254 (66.54%). В таблице 202 указана частота аллеля rs10757278.

Таблица 202 – Частота аллеля rs10757278 (n=169)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
G	186	0.55	44	0.54	142	0.55
A	152	0.45	38	0.46	114	0.45

По данным таблицы 202, 169 образцов из 254 образца rs 10757278 были генотипированы, что составило 66,54%. Частота аллеля G составило 55%, 186 аллелей, из них в основной группе 55%, 142 аллелей, в контрольной группе также 54%, 44 аллелей следовательно. Аллелей А было в общем 45%, то есть 152 аллелей, в основной 45%, 114 аллелей и в контрольной группе 46%, 38 аллелей. В таблице 203 указана частота генотипа rs 10757278.

Таблица 203 – Частота генотипа rs10757278 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A/A	32	0.19	9	0.22	23	0,17
G/A	88	0.52	20	0.49	68	0,53
G/G	49	0.29	12	0.29	37	0,30
NA	85	---	50	---	35	---

По таблице 203, частота генотипа rs 10757278 по гомозиготному типу соответствовал (A/A) 19% в общем, то есть 32 генотипа, из них в основной группе 18%, 23 генотипа, в контрольной группе 22%, 9 генотипа. По гетерозиготному типу (G/A) -52%, 88 генотипа, из них в основной группе 53%, 68 генотипов, а в контрольной группе 49% 20 генотипов. Гомозиготный генотип (G/G) соответствовал 29%, соответственно 49 генотипов, из них в основной группе 29%, 37 генотипов, а в контрольной группе 29%, 12 генотипов соответственно. В таблице 204 предложен rs10757278 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 204 – rs10757278 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=169)

Генотип	G/G	G/A	A/A	G	A	P value
Обе группы	49	88	32	186	152	0.05
Контрольная группа	12	20	9	44	38	0.05
Основная группа	37	68	23	142	114	0.05

В таблице 204, по точному тесту генотипы и аллели rs10757278 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. В таблице 205 предложена ассоциация rs10757278 с моделями наследования.

Таблица 205 – Ассоциация rs10757278 с моделями наследования (n=169)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	G/G	12 (29.3%)	37 (28.9%)	1.00	0.83
	A/G	20 (48.8%)	68 (53.1%)	1.10 (0.49-2.50)	
	A/A	9 (21.9%)	23 (18%)	0.83 (0.30-2.27)	
Доминантный	G/G	12 (29.3%)	37 (28.9%)	1.00	0.96
	A/G-A/A	29 (70.7%)	91 (71.1%)	1.02 (0.47-2.21)	
Рецессивный	G/G-A/G	32 (78%)	105 (82%)	1.00	0.58
	A/A	9 (21.9%)	23 (18%)	0.78 (0.33-1.85)	
Сверхдоминантный	G/G-A/A	21 (51.2%)	60 (46.9%)	1.00	0.63
	A/G	20 (48.8%)	68 (53.1%)	1.19 (0.59-2.41)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.93 (0.55-1.55)	0.77

В таблице 205, rs 10757278 не ассоциирован с моделями.
SNP: rs10116277

Процент генотипированных образцов: 175/254 (68.9%). В таблице 206 указана частота аллеля rs10116277.

Таблица 206 – Частота аллеля rs 10116277 (n=175)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
G	192	0.55	48	0.59	144	0.53
T	158	0.45	34	0.41	124	0.47

По таблице 206, 175 образцов из 254 образца rs10116277 были генотипированы, что составило 68,9%. Частота аллеля G составило 55%, 192 аллелей, из них в основной группе 54%, 144 аллелей, в контрольной группе также 59%, 48 аллелей следовательно. Аллелей T было в общем 45%, то есть 158 аллелей, в основной 46%, 124 аллелей и в контрольной группе 41 %, 34 аллелей. В таблице 207 указана частота генотипа rs10116277.

Таблица 207 – Частота генотипа rs10116277 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
G/G	28	0.16	9	0.22	19	0.14
G/T	136	0.78	30	0.73	106	0.79
T/T	11	0.06	2	0.05	9	0,07
NA	79	---	50	---	29	---

По данным таблицы 207, частота генотипа rs 10116277 по гомозиготному типу соответствовал (G/G) 16% в общем, то есть 28 генотипа, из них в основной группе 14%, 19 генотипа, в контрольной группе 22%, 9 генотипа. По гетерозиготному типу (G/T) составил 78%, 136 генотипа, из них в основной группе 79%, 106 генотипов, а в контрольной группе 73% 30 генотипов. Гомозиготный генотип (T/T) соответствовал 6%, соответственно 11 генотипов, из них в основной группе 7%, 9 генотипов, а в контрольной группе 5%, 2 генотипов соответственно. В таблице 208 указан rs10116277 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 208 – rs10116277 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=175)

Генотип	G/G	G/T	T/T	G	T	P value
Обе группы	28	136	11	192	158	0.05
Контрольная группа	9	30	2	48	34	0.05
Основная группа	19	106	9	144	124	0.05

В таблице 208, по точному тесту генотипы и аллели rs10116277 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Ассоциация rs10116277 с моделями наследования указан в таблице 209.

Таблица 209 – Ассоциация rs10116277 с моделями наследования (n=175)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	G/G	9 (21.9%)	19 (14.2%)	1.00	0.49
	G/T	30 (73.2%)	106 (79.1%)	1.67 (0.69-4.08)	
	T/T	2 (4.9%)	9 (6.7%)	2.13 (0.38-11.97)	
Доминантный	G/G	9 (21.9%)	19 (14.2%)	1.00	0.25
	G/T-T/T	32 (78%)	115 (85.8%)	1.70 (0.70-4.12)	
Рецессивный	G/G-G/T	39 (95.1%)	125 (93.3%)	1.00	0.66
	T/T	2 (4.9%)	9 (6.7%)	1.40 (0.29-6.77)	
Сверхдоминантный	G/G-T/T	11 (26.8%)	28 (20.9%)	1.00	0.43
	G/T	30 (73.2%)	106 (79.1%)	1.39 (0.62-3.11)	
Лог-аддитивный	---	---	---	1.56 (0.74-3.31)	0.25

По данным таблицы 209, rs 10116277 не ассоциирован с моделями наследования.

SNP: rs1333049

Процент генотипированных образцов: 216/254 (85.04%). В таблице 210 представлены данные частоты аллеля rs1333049.

Таблица 210 – Частота аллеля rs1333049 (n=216)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C	237	0.55	73	0.53	164	0.56
G	195	0.45	65	0.47	130	0.44

В таблице 210, 216 образцов из 254 образца rs1333049 были генотипированы, что составило 85,04%. Частота аллеля C составило 55%, 237 аллелей, из них в основной группе 56%, 164 аллелей, в контрольной группе также 53%, 73 аллелей следовательно. Аллелей G было в общем 45%, то есть 195 аллелей, в основной 44%, 130 аллелей и в контрольной группе 47. В таблице 211 указана частота генотипа rs1333049.

Таблица 211 – Частота генотипа rs1333049 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C/C	61	0.28	20	0.29	41	0.28
C/G	115	0.53	33	0.48	82	0.56
G/G	40	0.19	16	0.23	24	0.16
NA	38	---	22	---	16	---

По данным таблицы 211, Частота генотипа rs1333049 по гомозиготному типу соответствовал (C/C) 28% в общем, то есть 61 генотипа, из них в основной группе 28%, 41 генотипа, в контрольной группе 29%, 20 генотипа. По гетерозиготному типу (C/G) составил 53%, 115 генотипа, из них в основной группе 56%, 82 генотипов, а в контрольной группе 48% 33 генотипов.

Гомозиготный генотип (G/G) соответствовал 19%, соответственно 40 генотипов, из них в основной группе 16%, 24 генотипов, а в контрольной группе 23%, 16 генотипов соответственно. В таблице 212 представлен rs1333049 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 212 – rs1333049 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=216)

Генотип	C/C	C/G	G/G	C	G	P-value
Обе группы	61	115	40	237	195	0.34
Контрольная группа	20	33	16	73	65	0.81
Основная группа	41	82	24	164	130	0.13

В таблице 212, по точному тесту генотипы и аллели rs 1333049 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Ассоциация rs1333049 с моделями наследования представлена в таблице 213.

Таблица 213 – Ассоциация rs1333049 с моделями наследования (n=216)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	C/C	20 (29%)	41 (27.9%)	1.00	0.42
	C/G	33 (47.8%)	82 (55.8%)	1.21 (0.62-2.37)	
	G/G	16 (23.2%)	24 (16.3%)	0.73 (0.32-1.68)	
Доминантный	C/C	20 (29%)	41 (27.9%)	1.00	0.87
	C/G-G/G	49 (71%)	106 (72.1%)	1.06 (0.56-1.99)	
Рецессивный	C/C-C/G	53 (76.8%)	123 (83.7%)	1.00	0.23
	G/G	16 (23.2%)	24 (16.3%)	0.65 (0.32-1.31)	
Сверхдоминантный	C/C-G/G	36 (52.2%)	65 (44.2%)	1.00	0.27
	C/G	33 (47.8%)	82 (55.8%)	1.38 (0.78-2.44)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.88 (0.58-1.35)	0.56

По таблице 213, rs 1333049 не ассоциирован с моделями наследования.
SNP: rs2383207

Процент генотипированных образцов: 196/254 (77.17%). В таблице 214 представлена частота аллеля rs2383207.

Таблица 214 – Частота аллеля rs2383207 (n=196)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A	198	0.51	49	0.52	149	0.5
G	194	0.49	45	0.48	149	0.5

По данным таблицы 214, 196 образцов из 254 образца rs 2383207 были генотипированы, что составило 77,17%. Частота аллеля А составило 51%, 198 аллелей, из них в основной группе 50%, 149 аллелей, в контрольной группе 52%, 49 аллелей следовательно. Аллелей G было в общем 49%, то есть 194

аллелей, в основной 50%, 149 аллелей и в контрольной группе 48%, 45 аллелей. В таблице 215 указана частота генотипа rs 2383207.

Таблица 215 – Частота генотипа rs2383207 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A/A	58	0.3	17	0.36	41	0.28
A/G	82	0.42	15	0.32	67	0.45
G/G	56	0.29	15	0.32	41	0.28
NA	58	---	44	---	14	---

По данным таблицы 215, частота генотипа rs 2383207 по гомозиготному типу соответствовал (A/A) 30% в общем, то есть 58 генотипов, из них в основной группе 28%, 41 генотипа, в контрольной группе 36%, 17 генотипов. По гетерозиготному типу (A/G) составил 42%, 82 генотипа, из них в основной группе 45%, 67 генотипов, а в контрольной группе 32% 15 генотипов. Гомозиготный генотип (G/G) соответствовал 29%, соответственно 56 генотипов, из них в основной группе 28 %, 41генотип, а в контрольной группе 32%, 15 генотипов. В таблице 216 указан rs2383207 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 216 – rs2383207 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=196)

Генотип	A/A	A/G	G/G	A	G	P-value
Обе группы	58	82	56	198	194	0.023
Контрольная группа	17	15	15	49	45	0.018
Основная группа	41	67	41	149	149	0.25

В таблице 216 указано, что по точному тесту генотипы и аллели rs 2383207 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Ассоциация rs2383207 с моделями наследования представлен в таблице 217.

Таблица 217 – Ассоциация rs2383207 с моделями наследования (n=196)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	A/A	17 (36.2%)	41 (27.5%)	1.00	0.27
	A/G	15 (31.9%)	67 (45%)	1.85 (0.84-4.10)	
	G/G	15 (31.9%)	41 (27.5%)	1.13 (0.50-2.57)	
Доминантный	A/A	17 (36.2%)	41 (27.5%)	1.00	0.26
	A/G-G/G	30 (63.8%)	108 (72.5%)	1.49 (0.74-2.99)	
Рецессивный	A/A-A/G	32 (68.1%)	108 (72.5%)	1.00	0.56
	G/G	15 (31.9%)	41 (27.5%)	0.81 (0.40-1.65)	
Сверхдоминантный	A/A-G/G	32 (68.1%)	82 (55%)	1.00	0.11
	A/G	15 (31.9%)	67 (45%)	1.74 (0.87-3.49)	
Лог-аддитивный	---	---	---	1.08 (0.70-1.65)	0.74

По данным таблицы 217, rs 2383207 не ассоциирован с моделями наследования.

SNP: rs3803

Процент генотипированных образцов: 174/254 (68.5%). В таблице 218 представлена частота аллеля rs3803.

Таблица 218 – Частота аллеля rs 3803 (n=174)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
G	279	0.8	70	0.76	209	0.82
A	69	0.2	22	0.24	47	0.18

В таблице 218 представлено 174 образцов из 254 образца rs3803 были генотипированы, что составило 68,5%. Частота аллеля G составило 80%, 279 аллелей, из них в основной группе 82%, 209 аллелей, в контрольной группе 76%, 70 аллелей. Аллелей A было в общем 20% , то есть 69 аллелей, в основной 18%, 47 аллелей и в контрольной группе 24%, 22 аллелей. Частота генотипа rs3803 представлено в таблице 219.

Таблица 219 – Частота генотипа rs3803 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
A/A	12	0.07	7	0.15	5	0.04
G/A	45	0.26	8	0.17	37	0.29
G/G	117	0.67	31	0.67	86	0.67
NA	80	---	45	---	35	---

По данным таблицы 219, частота генотипа rs 3803 по гомозиготному типу соответствовал (A/A) 7% в общем, то есть 12 генотипа, из них в основной группе 4%, 5 генотипов, в контрольной группе 15%, 7 генотипов. По гетерозиготному типу (G/A) составил 26%, 45 генотипа, из них в основной группе 29%, 37 генотипов, а в контрольной группе 17% 8 генотипов. Гомозиготный генотип (G/G) соответствовал 67%, соответственно 117 генотипов, из них в основной группе 67%, 86 генотипов, а в контрольной группе также 67%, 31 генотипов. 80 генотипов не были идентифицированы. В таблице 220 указан rs3803 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 220 – rs3803 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=174)

Генотип	G/G	G/A	A/A	G	A	P-value
Обе группы	117	45	12	279	69	0.017
Контрольная группа	31	8	7	70	22	0.000
Основная группа	86	37	5	209	47	0.77

В таблице 220 представлено, что по точному тесту генотипы и аллели rs 3803 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. Ассоциация rs3803 с моделями наследования указана в таблице 221.

Таблица 221 – Ассоциация rs3803 с моделями наследования (n=174)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	G/G	31 (67.4%)	86 (67.2%)	1.00	0.026
	A/G	8 (17.4%)	37 (28.9%)	1.67 (0.70-3.97)	
	A/A	7 (15.2%)	5 (3.9%)	0.26 (0.08-0.87)	
Доминантный	G/G	31 (67.4%)	86 (67.2%)	1.00	0.98
	A/G-A/A	15 (32.6%)	42 (32.8%)	1.01 (0.49-2.07)	
Рецессивный	G/G-A/G	39 (84.8%)	123 (96.1%)	1.00	0.015
	A/A	7 (15.2%)	5 (3.9%)	0.23 (0.07-0.75)	
Сверхдоминантный	G/G-A/A	38 (82.6%)	91 (71.1%)	1.00	0.12
	A/G	8 (17.4%)	37 (28.9%)	1.93 (0.82-4.53)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.75 (0.45-1.28)	0.3

По данным таблицы 221, rs 3803 (DNAJB8-AS1; GATA2) ассоциированы со следующими моделями наследования: кодоминантный (A/A, ОШ=0.26 (0.08-0.87), p=0.026), рецессивный (A/A, ОШ=0.23 (0.07-0.75), p=0.015), учитывая что ОШ меньше 1 можно утверждать о том, что при наличии данных генотипов риск уменьшается.

SNP: rs2713604

Процент генотипированных образцов: 229/254 (90.16%). В таблице 222 представлена частота аллеля rs2713604.

Таблица 222 – Частота аллеля rs2713604 (n=229)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
T	333	0.73	136	0.84	197	0.67
C	125	0.27	26	0.16	99	0.33

По данным таблицы 222, 229 образцов из 254 образца rs 2713604 были генотипированы, что составило 90.16%. Частота аллеля T составило 73%, 333 аллелей, из них в основной группе 67%, 197 аллелей, в контрольной группе 84%, 136 аллелей следовательно. Аллелей C было в общем 27%, то есть 125 аллелей, в основной 33%, 99 аллелей и в контрольной группе 16%, 26 аллелей. В таблице 223 представлена частота генотипа rs2713604.

По таблице 223, частота генотипа rs 2713604 по гомозиготному типу соответствовал (C/C) 3% в общем, то есть 7 генотипов, из них в основной группе 3%, 5 генотипов, в контрольной группе 2%, 2 генотипа. По гетерозиготному типу (T/C) составил 48%, 111 генотипа, из них в основной группе 60%, 89 генотипов, а в контрольной группе 27% 22 генотипа. Гомозиготный генотип (T/T) соответствовал 48%, соответственно 111

генотипов, из них в основной группе 36%, 54 генотипов, а в контрольной группе 70%, 57 генотипов соответственно. В таблице 224 указан rs2713604 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга.

Таблица 223 – Частота генотипа rs2713604 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
C/C	7	0.03	2	0.02	5	0.03
T/C	111	0.48	22	0.27	89	0.6
T/T	111	0.48	57	0.7	54	0.36
NA	25	---	10	---	15	---

Таблица 224 – rs2713604 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=229)

Генотип	T/T	T/C	C/C	T	C	P-value
Обе группы	111	111	7	333	125	0.00075
Контрольная группа	57	22	2	136	26	1
Основная группа	54	89	5	197	99	<0.0001

По данным таблицы 224, по точному тесту генотипы и аллели rs 2713604 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. В таблице 225 указана ассоциация rs2713604 с моделями наследования

Таблица 225 – Ассоциация rs2713604 с моделями наследования (n=229)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	T/T	57 (70.4%)	54 (36.5%)	1.00	<0.0001
	C/T	22 (27.2%)	89 (60.1%)	4.27 (2.35-7.76)	
	C/C	2 (2.5%)	5 (3.4%)	2.64 (0.49-14.18)	
Доминантный	T/T	57 (70.4%)	54 (36.5%)	1.00	<0.0001
	C/T-C/C	24 (29.6%)	94 (63.5%)	4.13 (2.31-7.40)	
Рецессивный	T/T-C/T	79 (97.5%)	143 (96.6%)	1.00	0.7
	C/C	2 (2.5%)	5 (3.4%)	1.38 (0.26-7.28)	
Сверхдоминантный	T/T-C/C	59 (72.8%)	59 (39.9%)	1.00	<0.0001
	C/T	22 (27.2%)	89 (60.1%)	4.05 (2.24-7.30)	
Лог-аддитивный	---	---	---	3.46 (1.99-6.00)	<0.0001

По данным таблицы 225, rs 2713604 (DNAJB8-AS1;GATA2) ассоциирован со следующими моделями наследования: кодоминантный (C/T, ОШ= 4.27 (2.35-7.76), p=<0.0001), доминантный (C/T-C/C, ОШ=4.13 (2.31-7.40), p=<0.0001), сверхдоминантный (ОШ=4.05 (2.24-7.30), p=<0.0001), логаддитивный (C/T, ОШ=3.46 (1.99-6.00), p=<0.0001). Таким образом, при кодоминантном, доминантном, сверхдоминантном и логаддитивных моделях наследования ОШ более 1, соответственно риск развития сердечно-сосудистых событий увеличивается на 4,27 раз, 4,13 раз, 4,05 раз и 3,46 раз.

SNP: rs9536314

Процент генотипированных образцов: 190/254 (74.8%). Частота аллеля rs9536314 представлена в таблице 226.

Таблица 226 – Частота аллеля rs9536314 (n=190)

Аллель	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
T	289	0.76	74	0.71	215	0.78
G	91	0.24	30	0.29	61	0.22

По таблице 226, 190 образцов из 254 образца rs9536314 были генотипированы, что составило 74,8%. Частота аллеля T составило 76%, из них в основной группе 78%, 215 аллелей T, в контрольной группе также 71%, 74 аллелей следовательно. Аллелей G было в общем 24%, то есть 91 аллелей соответственно, таким образом в основной 22% и в контрольной группе 29%. Частота генотипа rs9536314 представлена в таблице 227.

Таблица 227 – Частота генотипа rs9536314 (n=254)

Генотип	Обе группы		Контрольная группа		Основная группа	
	количество	пропорция	количество	пропорция	количество	пропорция
G/G	15	0.08	5	0.1	10	0.07
T/G	61	0.32	20	0.38	41	0.3
T/T	114	0.6	27	0.52	87	0.63
NA	64	---	39	---	25	---

По таблице 227 указано, что частота генотипа rs 9536314 по гомозиготному типу соответствовал генотип (G/G) 8% в общем, из них в основной группе 7%, в контрольной группе 1%. По гетерозиготному типу генотип (T/G) составил 32%, из них в основной группе 30%, а в контрольной группе 38%. Гомозиготный генотип (T/T) соответствовал 60%, в основной группе 63 и 52% в контрольной группе. Rs9536314 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга представлен в таблице 228.

Таблица 228 – rs9536314 точный тест для равновесия Харди-Вайнберга (n=190)

Генотип	T/T	T/G	G/G	T	G	P-value
Обе группы	114	61	15	289	91	0.11
Контрольная группа	27	20	5	74	30	0.74
Основная группа	87	41	10	215	61	0.13

По таблице 228 представлено, что по точному тесту генотипы и аллели rs 9536314 соответствовали равновесию Харди-Вайнберга в обеих группах. В таблице 229 указана ассоциация rs9536314 с моделями наследования.

Таблица 229 – Ассоциация rs9536314 с моделями наследования (n=190)

Модель наследования	Генотип	Контрольная группа	Основная группа	OR (95% ДИ)	P-value
Кодоминантный	T/T	27 (51.9%)	87 (63%)	1.00	0.38
	G/T	20 (38.5%)	41 (29.7%)	0.64 (0.32-1.26)	
	G/G	5 (9.6%)	10 (7.2%)	0.62 (0.20-1.97)	
Доминантный	T/T	27 (51.9%)	87 (63%)	1.00	0.17
	G/T-G/G	25 (48.1%)	51 (37%)	0.63 (0.33-1.21)	
Рецессивный	T/T-G/T	47 (90.4%)	128 (92.8%)	1.00	0.6
	G/G	5 (9.6%)	10 (7.2%)	0.73 (0.24-2.26)	
Сверхдоминантный	T/T-G/G	32 (61.5%)	97 (70.3%)	1.00	0.25
	G/T	20 (38.5%)	41 (29.7%)	0.68 (0.35-1.32)	
Лог-аддитивный	---	---	---	0.73 (0.45-1.18)	0.2

По данным таблицы 229, rs 9536314 не ассоциирован с моделями.

Следует констатировать взаимосвязь определенных генов биомаркеров эндотелия с сердечно-сосудистыми событиями у пациентов с ИБС в разные временные периоды после эндоваскулярных вмешательств на коронарных артериях. Так, ген NOS3 (rs1800779) ассоциирован со следующими моделями: кодоминантный (G/G, ОШ=0.16 (0.05-0.56), p=0.009), рецессивный (G/G, ОШ=0.17 (0.05-0.57), p=0.002), логаддитивный (ОШ=0.57 (0.35-0.92), p=0.2). Определена взаимосвязь гена Rs 3803 (DNAJB8-AS1; GATA2) со следующими моделями: кодоминантный (A/A, ОШ=0.26 (0.08-0.87), p=0.026), рецессивный (A/A, ОШ=0.23 (0.07-0.75), p=0.015).

При этом в указанных ассоциациях констатируется ОШ<1, что свидетельствует о снижении риска развития сердечно-сосудистых осложнений при идентификации данных генотипов.

Ген Rs 2713604 (DNAJB8-AS1;GATA2) ассоциирован со следующими моделями: кодоминантный (C/T, ОШ=4.27 (2.35-7.76), p=<0.0001), доминантный (C/T-C/C, ОШ=4.13 (2.31-7.40), p=<0.0001), сверхдоминантный (ОШ=4.05 (2.24-7.30), p=<0.0001), логаддитивный (C/T, ОШ=3.46 (1.99-6.00), p=<0.0001). В данном варианте ассоциации при кодоминантном, доминантном, сверхдоминантном и логаддитивных моделях наследования ОШ > 1, что указывает на увеличение риска развития новых сердечно-сосудистых событий: соответственно на 4,27; 4,13; 4,05 и 3,46 раза.

Таким образом, однонуклеотидный полиморфизм имеет 3 генотипа: гомозиготный, гетерозиготный и гетерозиготный мутантный генотипы. В этой связи просмотрены базы данных Ensemble, SNPedia, ClinVar на наличие генотипов в изучаемых нами генах. После выявления 3 генотипов в каждом гене, было решено статистически изучить доли каждого генотипа в зависимости от этнической принадлежности. Для выявления статистически значимых различий в долях был использован критерий Хи-квадрат Пирсона. В таблице 230 представлены частоты генотипов генов биомаркеров воспаления и иммунного ответа, связанных с риском развития сердечно-сосудистых событий в зависимости от этнической принадлежности.

Таблица 230 – Частота генотипов генов биомаркеров воспаления и иммунного ответа, связанных с риском развития кардиоваскулярных событий в зависимости от этнической принадлежности

rs	Основная группа						Chi- квадрат Пирсона	P- value
	азиаты (n=119)			европейцы (44)				
	0	1	2	0	1	2		
rs1234313 TNFSF4 0-A/A, 1-A/G, 2-G/G	10	84	21	14	5	16	40,247	0,000
rs2243250 IL4, 0 - C/C, 1 - C/T, 2 - T/T	43	55	21	14	13	12	3,555	0,169
rs3850641 TNFSF4, 0 - A/A, 1 - A/G, 2 - G/G	62	38	9	16	18	1	3,592	0,166
rs4986790 TLR4, 0 - A/A, 1 - A/G, 2 - G/G	94	13	2	22	5	0	1,263	0,532
rs17576 LOC100128028; MMP9, 0 - A/A, 1 - A/G, 2 - G/G	38	45	21	8	16	7	1,241	0,538
rs3184504 SH2B3; ATXN2, 0 - C/C, 1 - C/T, 2 - T/T	10	86	17	15	12	8	29,096	0,000
rs3782886 BRAP, 0 - T/T, 1 - T/C, 2 - C/C	106	3	0	32	0	1	4,211	0,122
rs1234315 TNFSF4, 0 - T/T, 1 - C/T, 2 - T/T	30	49	32	6	12	10	0,630	0,730
rs17228212 SMAD3, 0 - T/T, 1 - C/T, 2 - C/C	73	28	5	19	11	1	1,020	0,601
rs788016 HSPD1, 0 - G/G, 1 - A/G, 2 - A/A	50	42	11	7	13	4	3,025	0,220
rs2340690 HSPE1;HSPE1-MOB4;HSPD1, 0 - A/A, 1 - A/G, 2 - G/G	62	44	0	8	14	2	12,375	0,002
rs6725887 ICA1L;WDR12, 0 - C/C, 1 - C/T, 2 - T/T	10	16	82	7	8	10	12,688	0,002

По данным таблицы 230, статистически отличаются следующие генотипы генов биомаркеров воспаления и иммунного ответа, связанных с риском развития кардиоваскулярных событий в зависимости от этнической принадлежности: rs1234313 (TNFSF4), при этом 0 (гомозиготный генотип) - A/A, 1(гетерозиготный генотип)-A/G, 2 (мутантный гомозиготный генотип) - G/G ($p=0,000$), rs3184504 (SH2B3; ATXN2), 0(гомозиготный генотип) - C/C, 1(гетерозиготный генотип) - C/T, 2 (мутантный гомозиготный генотип) - T/T($p=0,000$), rs2340690 (HSPE1;HSPE1-MOB4;HSPD1), 0 (гомозиготный генотип) - A/A, 1(гетерозиготный генотип) - A/G, 2 (мутантный гомозиготный генотип) - G/G ($p=0,002$), rs6725887 (ICA1L;WDR12), 0 (гомозиготный генотип) - C/C, 1 (гетерозиготный генотип) - C/T, 2 (мутантный гомозиготный генотип) - T/T($p=0,002$).

В таблице 231 представлены частоты генотипов генов биомаркеров системы гемостаза, связанных с риском развития сердечно-сосудистых событий в зависимости от этнической принадлежности.

Таблица 231 – Частота генов биомаркеров системы гемостаза, связанных с риском развития сердечно-сосудистых событий

rs	Основная группа						Chi- квадрат Пирсона	P-value
	азиаты (n=119)			европейцы (44)				
	0	1	2	0	1	2		
rs1799963 СКАР5; F2, 0 - G/G, 1 - A/G, 2 - A/A	84	24	1	11	20	0	20,304	0,000
rs6025 F5, 0 - C/C, 1 - C/T, 2 - T/T	94	6	6	16	3	3	3,836	0,147
rs1799983 СКАР5;F2, 0 - G/G, 1 - G/T, 2- T/T	68	43	0	13	16	2	9,715	0,008
rs2306374 MRAS, 0 - T/T, 1 - C/T, 2 - C/C	87	15	4	25	8	3	2,758	0,252
rs5918 ITGB3, 0 - T/T, 1 - C/T, 2 - C/C	84	19	3	27	4	1	0,522	0,770
rs1746048, 0 - T/T, 1 - C/T, 2 - C/C	15	46	50	5	12	18	0,587	0,746
rs688034 SEZ6L, 0 - C/C, 1 - C/T, 2- T/T	73	33	1	16	15	2	6,210	0,045
rs5361 SELE, 0 - T/T, 1 - T/G, 2 - G/G	89	13	2	17	7	0	4,440	0,109
rs6922269 MTHFD1L, 0 - A/A, 1 - A/G, 2 - G/G	7	19	78	6	8	18	5,475	0,065

По данным таблицы 231, статистически отличаются следующие генотипы генов биомаркеров системы гемостаза, связанных с риском развития сердечно-сосудистых событий в зависимости от этнической принадлежности: rs1799963 (СКАР5; F2), при этом 0 (гомозиготный генотип) - G/G, 1(гетерозиготный генотип)-A/G, 2 (мутантный гомозиготный генотип) - A/A (p=0,000), rs1799983 (СКАР5;F2), 0(гомозиготный генотип) - G/G, 1(гетерозиготный генотип) - G/T, 2 (мутантный гомозиготный генотип) - T/T (p=0,008), rs688034 (SEZ6L), 0 (гомозиготный генотип)- C/C, 1(гетерозиготный генотип) - C/T, 2 (мутантный гомозиготный генотип) - T/T(p=0,045).

В таблице 232 представлены частоты генотипов генов биомаркеров липидного обмена, связанные с риском развития сердечно-сосудистых событий в зависимости от этнической принадлежности.

Таблица 232 – Частота генотипов генов биомаркеров липидного обмена, связанные с риском развития сердечно-сосудистых событий в зависимости от этнической принадлежности

rs	Основная группа						Chi- квадрат Пирсона	P-value
	азиаты (n=119)			европейцы (44)				
	0	1	2	0	1	2		
rs183130 CETP, 0 - C/C, 1 - C/T, 2 - T/T	61	45	4	17	12	1	0,017	0,992
rs1800588 LIPC, 0 - C/C, 1 - C/T, 2 - T/T	41	49	16	14	14	3	0,764	0,682
rs3843763 PLTP, 0 - C/C, 1 - C/T, 2 - T/T	57	51	4	12	21	4	5,486	0,064
rs268 LPL, 0 - A/A, 1 - A/G, 2 - G/G	96	14	1	18	9	1	7,606	0,022
rs326 LPL, 0 - G/G, 1 - A/G, 2 - A/A	8	33	66	0	8	24	3,352	0,187
rs17465637 MIA3, 0 - C/C, 1 - A/C, 2 - A/A	3	89	16	3	17	5	4,702	0,095
rs2229616 MC4R, 0 - C/C, 1 - C/T, 2 - T/T	89	15	2	14	17	2	22,644	0,000
rs501120, 0 - C/C, 1 - C/T, 2 - T/T	17	45	46	9	14	9	3,379	0,185
rs2230500 PRKCH, 0 - A/A, 1 - A/G, 2 - G/G	7	5	96	0	4	23	5,145	0,076
rs2516839 USF1;ARHGAP30;TSTD1, 0 - C/C, 1 - C/T, 2 - T/T	40	62	7	6	24	3	3,987	0,136
rs2943634, 0 - A/A, 1 - A/C, 2 - C/C	3	45	60	4	14	11	7,031	0,030
rs599839 CELSR2;PSRC1, 0 - G/G, 1 - A/G, 2 - A/A	6	32	66	3	13	8	7,355	0,025
rs5443 LEPREL2;GNB3;CDCA3;USP5, 0 - T/T, 1 - C/T, 2 - C/C	22	56	35	10	18	10	0,864	0,649
rs1042714 ADRB2, 0 - G/G, 1 - C/G, 2 - C/C	9	48	53	3	21	8	5,609	0,061
rs8055236 CDH13, 0 - G/G, 1 - G/T, 2 - T/T	71	26	12	19	10	3	0,721	0,697
rs2774279 USF1;ARHGAP30;TSTD1, 0 - C/C, 1 - C/T, 2 - T/T	81	26	4	17	19	1	10,246	0,006
rs2073658 USF1;ARHGAP30;TSTD1, 0 - T/T, 1 - T/C, 2 - C/C	1	34	61	0	7	7	1,205	0,547
rs11206510 PCSK9, 0 - T/T, 1 - C/T, 2 - C/C	88	20	4	24	4	3	2,208	0,331

На основании таблицы 232 частоты генотипов генов биомаркеров липидного обмена, связанные с риском развития сердечно-сосудистых событий в зависимости от этнической принадлежности статистически значимы в следующих генах: rs268 (LPL), 0 - A/A, 1 - A/G, 2 - G/G ($p=0,022$), rs2229616 (MC4R), 0 - C/C, 1 - C/T, 2 - T/T ($p=0,000$), rs2943634, 0 - A/A, 1 - A/C, 2 - C/C, ($p=0,030$), rs599839 (CELSR2;PSRC1), 0 - G/G, 1 - A/G, 2 - A/A ($p=0,030$), rs599839 (CELSR2;PSRC1), 0 - G/G, 1 - A/G, 2 - A/A ($p=0,025$), rs2774279 USF1;ARHGAP30;TSTD1, 0 - C/C, 1 - C/T, 2 - T/T, ($p=0,006$).

В таблице 233 представлены частоты генотипов генов биомаркеров эндотелия, связанных с сердечно-сосудистыми событиями в зависимости от этнической принадлежности.

Таблица 233 – Частота генотипов генов биомаркеров эндотелия, связанных с сердечно-сосудистыми событиями в зависимости от этнической принадлежности

rs	Основная группа						Chi- квadrat Пирсона	P-value
	азиаты (n=119)			европейцы (44)				
	0	1	2	0	1	2		
rs383830, 0 -A/A, 1 -A/T, 2 - T/T	10	45	56	6	15	12	3,143	0,208
rs5370 EDN1, 0 -T/T, 1 - G/T, 2- G/G	62	42	9	4	16	14	2,022	0,364
rs1800779 NOS3, 0 - G/G, 1- G/T, 2- T/T	62	42	9	15	16	3	1,248	0,536
rs1800783 NOS3, 0 - A/A, 1- A/T, 2- T/T	65	44	3	6	23	7	20,749	0,000
rs1051730 NOS3, 0 - G/G, 1 - A/G, 2 - A/A	63	42	4	8	24	4	14,417	0,001
rs2383206 CDKN2B-AS1, 0 - A/A, 1 - A/G, 2 - G/G	36	71	3	1	24	13	0,028	0,986
rs10757278 CDKN2B-AS1, 0 - A/A, 1 - A/G, 2 - G/G	16	59	28	8	9	8	4,790	0,091
rs10116277 CDKN2B-AS1, 0 - G/G, 1 - G/T, 2 - T/T	13	91	3	5	16	6	14,551	0,001
rs1333049 CDKN2B-AS1, 0 - C/C, 1 - C/G, 2 - G/G	32	62	18	9	21	5	0,234	0,889
rs2383207 CDKN2B-AS1, 0 - A/A, 1 -A/G, 2 -G/G	24	57	34	17	10	7	11,231	0,004
rs3803 DNAJB8-AS1;GATA2, 0 - A/A, 1 -A/G, 2 -G/G	73	29	4	1	7	14	0,230	0,891
rs2713604 DNAJB8-AS1;GATA2, 0 - T/T, 1 - C/T, 2 -C/C	30	81	0	24	8	5	38,057	0,000
rs9536314 KL, 0 - G/G, 1 - G/T, 2 - T/T	76	27	4	6	14	11	16,119	0,000

По данным таблицы 233 статистически значимы следующие частоты генотипов генов биомаркеров эндотелия, связанных с сердечно-сосудистыми событиями в зависимости от этнической принадлежности: rs1800783 NOS3, 0-A/A, 1-A/T, 2-T/T ($p=0,000$), rs1051730 NOS3, 0 - G/G, 1-A/G, 2-A/A ($p=0,001$), rs10116277 CDKN2B-AS1, 0-G/G, 1-G/T, 2-T/T($p=0,001$), rs2383207 CDKN2B-AS1, 0-A/A, 1-A/G, 2-G/G ($p=0,004$), rs2713604 DNAJB8-AS1;GATA2, 0-T/T, 1-C/T, 2-C/C ($p=0,000$), rs9536314 KL, 0- G/G, 1-G/T, 2-T/T, ($p=0,000$).

3.3 Оценка прогностической значимости полиморфизмов в риске развития осложнений и исходов после чрескожного коронарного вмешательства

С целью определения прогностической роли генетического полиморфизма в развитии осложнений и исходов кардиоваскулярных событий был проведен логистический регрессионный анализ, учитывая ранние и поздние осложнения. Результаты регрессионного анализа представлены в таблице 234.

Таблица 234 – Регрессионный анализ генетического полиморфизма в риске развития кардиоваскулярных событий (зависимая переменная исход есть, исход нет)

Переменные	cOR (95% CI)	p	aOR (95% CI)	p
rs2943634 (AC) Поздние (≥ 3)	0,471 (0,256-,869)	0.016	4,007 (1,502-10,692)	0,006

На основании проведенного регрессионного анализа генетического полиморфизма в риске развития кардиоваскулярных событий было выявлено, что при наличии полиморфизма гена rs2943634, гетерозиготного генотипа AC возрастает риск развития поздних кардиоваскулярных событий на 4,007 раз 95% ДИ (1,502:10,692), $p=0,006$. Данный ген входит в группу биомаркеров нарушения липидного обмена. По литературным данным, указанный ген ассоциирован с холестерином липопротеинов высокой плотности (ЛПВП) и при идентификации данного полиморфизма у пациентов риск развития ишемического инсульта возрастает в 2,5 раза [117]. По данным текущего исследования среди пациентов основной группы данный полиморфизм (rs2943634) повышен в 4,007 раз.

3.4 Предикторы развития сердечно-сосудистых событий в раннем и отдаленном периоде после чрескожного коронарного вмешательства

На основании проведенного исследования можно выделить предикторы развития сердечно-сосудистых событий в раннем и отдаленном периоде после чрескожного коронарного вмешательства. Предикторы развития сердечно-сосудистых событий в раннем и отдаленном периоде после чрескожного коронарного вмешательства представлены в таблице 235.

Таблица 235 – Предикторы развития сердечно-сосудистых событий в раннем и отдаленном периоде после чрескожного коронарного вмешательства

Предикторы	Осложнения	OR (95% CI)	p
1	2	3	4
Возраст	Ранние (≥ 3 месяца)	1,072 (1,027-1,12)	0,001
ИМТ, кг/м ²	Ранние (≥ 3 месяца)	12,57 (2,36-66,89)	0,003
Избыточный вес	Ранние (≥ 3 месяца)	3,853 (1,198-12,391)	0,024
Ожирение 1 степени	Ранние (≥ 3 месяца)	12,603(2,042-77,792)	0,006

Продолжение таблицы 235

1	2	3	4
Ожирение 2 степени	Ранние (≥ 3 месяца)	7,998 (1,165-54,905)	0,034
ХСН ФК 1	Ранние (≥ 3 месяца)	8,980 (1,169-69,017)	0,035
ХСН ФК 2	Ранние (≥ 3 месяца)	24,844 (2,884-214,058)	0,003
Нарушение ритма	Ранние (≥ 3 месяца)	3,206(1,104-9,307)	0,032
ЛПНП	Ранние (≥ 3 месяца)	1,358 (1,001-1,843)	0,049
rs2943634 (АС)	Поздние (≥ 3)	4,007 (1,502-10,692)	0,006

Таким образом, статически значимыми предикторами развития сердечно-сосудистых событий в раннем периоде оказались: возраст, ИМТ, избыточный вес, ожирение 1-2 степени, ХСН ФК 1-2, нарушение ритма, ЛПНП. В отдаленном периоде после чрескожного коронарного вмешательства прогностическим критерием развития кардиоваскулярных осложнений определялся гетерозиготный генотип АС rs2943634.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Цель и задачи, сформулированные в диссертационной работе, выполнены в полной мере.

Сравнение выполненной работы с другими литературными данными позволяет предположить, что исследование является независимым и оригинальным.

Полученные результаты дополняют и расширяют существующие теоретические концепции о развитии осложнений в риске развития новых сердечно-сосудистых событий в раннем и отдаленном периоде.

Для оценки риска возникновения новых неблагоприятных сердечно-сосудистых событий после ЧКВ был проведен регрессионный анализ. Анализ показал, что у пациентов старшего возраста, а также при исходной избыточной массе тела, ожирении 1 и 2 степени, нарушении ритма сердца и при развитии хронической сердечной недостаточности возрастают риск развития новых сердечно-сосудистых событий преимущественно в раннем сроке. Из лабораторных маркеров наиболее значимым предиктором риска развития кардиоваскулярных осложнений было повышение уровня ЛПНП.

Генотипирование генов предрасположенности в кардиологической практике позволяет, прежде всего, формировать группы людей с высоким сердечно-сосудистым риском для проведения лечебно-профилактических мероприятий, направленных на снижение этого риска, под наблюдением врача. Выявление генетической предрасположенности к сердечно-сосудистым заболеваниям рационально проводить в раннем периоде, до появления клинических симптомов, что позволяет эффективно предотвратить его развитие или отсрочить сроки проявления. Следует подчеркнуть, что молекулярно-генетические исследования позволяют выявить особенности этиологии, патогенеза и характера течения наиболее частых сердечно-сосудистых и других многофакторной этиологии заболеваний у каждого пациента.

Таким образом, информация о наличии генетических дефектов, приводящих к гиперхолестеринемии, эндотелиальной дисфункции, увеличению риска рестеноза коронарных сосудов после кардиохирургических операций, позволяет проводить патогенетически обоснованное лечение с использованием препаратов, модулирующих метаболические нарушения, в частности, эндотелиальную дисфункцию, или выбрать иную стратегию ведения пациентов, в частности методы генной терапии.

В патофизиологии ИБС важную роль играют воспаление и иммунный ответ. В связи с этим большое количество исследований посвящено изучению ассоциативных связей между полиморфизмом генов, участвующих в каскаде воспаления и иммунных ответов, экспрессией этих генов и риском развития сердечно-сосудистой патологии.

Ген TNF, также известный как TNF-альфа, кодирует цитокин с обширными воспалительными и иммунными функциями. Среди наиболее

изученных SNP TNF в промоторе обнаружены два, которые могут влиять как на конститутивную, так и на индуцированную экспрессию TNF [5, p. 199].

Основными метаболическими изменениями, лежащими в основе развития ИБС, являются нарушения липидного обмена или дислипидемии, которые контролируются различными вариантами полиморфных генов. Предрасположенность к подавляющему большинству форм ИБС обусловлена именно кумулятивным вкладом множества полиморфных вариантов генов, каждый из которых характеризуется относительно слабым или умеренным влиянием на липидный обмен и развитие заболевания. Однако многочисленные исследования, направленные на подтверждение выявленных ассоциаций ИБС с отдельными генами-кандидатами, показали низкую степень воспроизводимости результатов в различных популяциях в международной практике. Так, ряд исследователей выявили также существенные различия в генетической структуре и вкладе отдельных генов в патогенез ИБС в популяциях Европы и Азии [88, p. e64191-1; 89, p. 529; 118-121]. Низкая воспроизводимость генетических ассоциаций может быть связана не только различиями в генетической структуре между популяциями, но и влиянием различных факторов риска окружающей среды. В связи с этим изучение генетической структуры казахстанских популяций в контексте ее влияния на риск развития ИБС открывает широкие возможности для масштабного скрининга генетических маркеров и мониторинга основных маркеров для первичной профилактики заболевания и в Республике Казахстан.

Полученные данные могут быть рекомендованы для оценки рисков развития новых сердечно-сосудистых событий после стентирования коронарных артерий, а также для разработки методов профилактики развития новых сердечно-сосудистых событий, а также для применения новых знаний в обучающем процессе.

По результатам проведенного исследования сделаны следующие **выводы**:

1. Риск возникновения новых неблагоприятных сердечно-сосудистых событий после ЧКВ возрастает у пациентов пожилого возраста (OR=1,07; 95% ДИ (1,03: 1,12)), а также при исходной избыточной массе тела (OR=3,9; 95% ДИ (1,2:12,4)), ожирении 1 (OR=12,6; - 95% ДИ (2,04:77,8) и 2 степеней (OR =7,9; - 95% ДИ (1,2-54,9)). При нарушении ритма сердца риск увеличивается (OR=8,9; 95% ДИ (1,17:69,0) и значительно повышается при развитии хронической сердечной недостаточности (OR =25; 95% ДИ (2,8:214,0)). Из лабораторных маркеров наиболее значимым предиктором риска развития кардиоваскулярных осложнений явилось повышение уровня липопротеидов низкой плотности (OR=1,3; 95% ДИ (1,001:1,8)).

2. Кардиоваскулярные события увеличиваются после интервенционных вмешательств на коронарных артериях у носителей мутантных аллелей полиморфизма генов: Rs 1234313 -TNFSF4; OR=4,5 (p <0.0001); Rs 3184504 - SH2D3. T/T; OR=2,5 (p <0.0001); Rs 2943634; OR= 2,5 (p=0.013); Rs 2713604 - DNAJB8-AS1; OR=4 (p<0.0001).

3. К таргетным панелям генетических маркеров, ассоциированных с риском развития сердечно-сосудистых событий после чрескожного коронарного вмешательства в этнической группе казахов относятся:

– генотипы генов биомаркеров воспаления и иммунного ответа: rs1234313 (TNFSF4, $p=0,000$), rs3184504 (SH2B3, $p=0,000$), rs2340690 (HSPE1, $p=0,002$), rs6725887 (ICA1L, $p=0,002$);

– генотипы генов биомаркеров системы гемостаза: rs1799963 (CKAP5, $p=0,000$), rs1799983 (CKAP5, $p=0,008$), rs688034 (SEZ6L, $p=0,045$);

– генотипы генов биомаркеров липидного обмена: rs268 (LPL, $p=0,022$), rs2229616 (MC4R, $p=0,000$), rs2943634 ($p=0,030$), rs599839 (PSRC1, $p=0,030$), rs2774279 (USF1, $p=0,006$);

– генотипы генов биомаркеров эндотелия сосудов: rs1800783 (NOS3, $p=0,000$), rs1051730 (NOS3, $p=0,001$), rs10116277 (CDKN2B-AS1, $p=0,001$), rs2383207 (CDKN2B-AS1, $p=0,004$), rs2713604 (DNAJB8-AS1, $p=0,000$), rs9536314 (KL, $p=0,000$).

4. Прогнозирование высокого риска развития сердечно-сосудистых событий в отдаленном периоде после чрескожного коронарного вмешательства связано с идентификацией интергенного полиморфизма гена rs2943634 (OR=4,0 раза, $p=0,006$).

5. Предикторами развития новых сердечно-сосудистых событий в раннем периоде после чрескожного коронарного вмешательства определены: пожилой возраст, избыточная масса тела, ожирение 1-2 степени, повышение липопротеидов низкой плотности, а также наличие нарушения ритма сердца и хронической сердечной недостаточности. В отдаленном периоде после чрескожного коронарного вмешательства прогностическим критерием развития сердечно-сосудистых осложнений определен гетерозиготный генотип AC интергенного варианта rs2943634 (OR=4,0; 95% ДИ (1,502:10,692), $p=0,006$), относящийся к биомаркерам нарушения липидного обмена.

Практические рекомендации:

1. Определение у пациентов после чрескожного коронарного вмешательства клинико-лабораторных маркеров в виде пожилого возраста, избыточной массы тела, ожирения 1-2 степени, повышения уровня липопротеидов низкой плотности, нарушения ритма сердца, хронической сердечной недостаточности позволяют прогнозировать риск развития новых сердечно-сосудистых событий в ближайшем периоде, что определяют показания к проведению генетического тестирования для выявления полиморфизма генов, ответственных за риск развития кардиальных осложнений.

2. Отдаленный период после чрескожного коронарного вмешательства определяет показания к генетическому тестированию для идентификации полиморфизма гена rs2943634, ассоциированного с поздними кардиальными осложнениями.

Предложенный алгоритм прогнозирования риска развития новых сердечно-сосудистых событий после чрескожного коронарного вмешательства

позволяет выявить потенциальные факторы риска сердечно-сосудистых событий в раннем периоде после ЧКВ, провести модификацию факторов риска, и определить группу пациентов для генетического тестирования на полиморфизм rs2943634 (рисунок 7), свидетельство на объекты, охраняемые авторским правом №31084 от 14.12.2022 г. (Приложение Б).

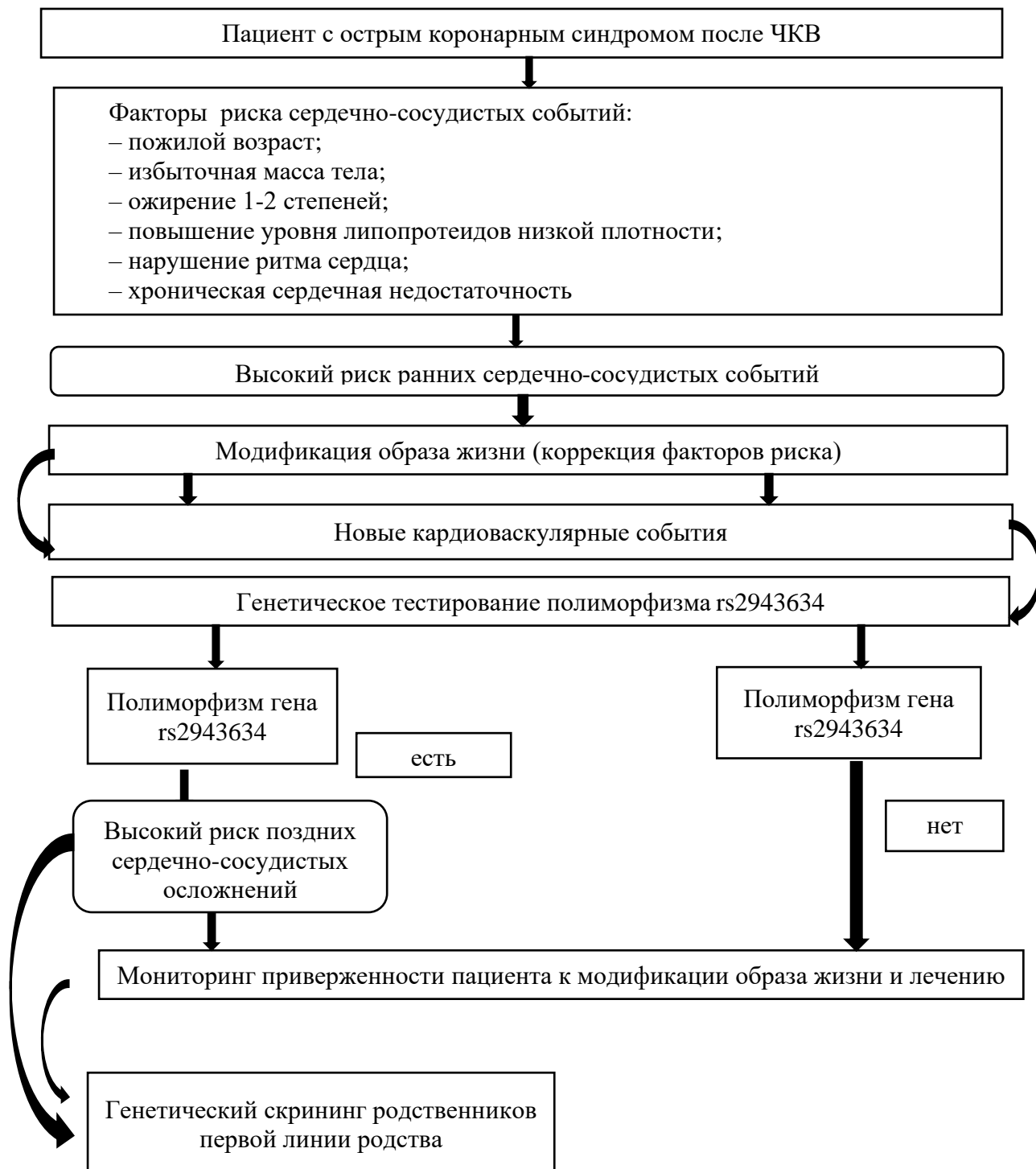


Рисунок 7 – Алгоритм прогнозирования риска развития новых сердечно-сосудистых событий после ЧКВ

СПИСОК ИСПОЛЬЗУЕМЫХ ИСТОЧНИКОВ

- 1 Всемирная организация здравоохранения // www.who.int/countries. 19.02.2021.
- 2 Постановление Правительства Республики Казахстан. Об утверждении Государственной программы развития здравоохранения Республики Казахстан на 2020-2025 годы: утв. 26 декабря 2019 года, №982 // <https://adilet.zan.kz/rus/docs/P1900000982>. 21.02.2020.
- 3 Обзор казахстанской системы здравоохранения: итоги 2020 года и планы на 2021-й от 27 февраля 2021 года // <https://primeminister.kz>. 14.04.2021.
- 4 Klein T., Bischoff R. Physiology and pathophysiology of matrix metalloproteinases // *Amino Acids* – 2011. – Vol. 41. – P. 271-290.
- 5 Alp E., Menevse S., Tulmac M. et al. The role of matrix metalloproteinase-2 promoter polymorphisms in coronary artery disease and myocardial infarction // *Genet Test Mol Biomarkers*. – 2011. – Vol. 15, №4. – P. 193-202.
- 6 Kaplan R.C., Smith N.L., Zucker S. et al. Matrix metalloproteinase-3 (MMP3) and MMP 9 genes and risk of myocardial infarction, ischemic stroke, and hemorrhagic stroke // *Atherosclerosis*. – 2008. – Vol. 201. – P. 130-137.
- 7 Abilleira S., Bevan S., Markus H.S. The role of genetic variants of matrix metalloproteinases in coronary and carotid atherosclerosis // *J. Med. Genet*. – 2006. – Vol. 43. – P. 897-901.
- 8 Mancia G., Fagard R., Narkiewicz K. et al. The 2013 ESH/ESC Guidelines for the Management of Arterial Hypertension // *European heart Journal*. – 2013. – Vol. 34. – P. 2159-2169.
- 9 Zhou S., Feely J., Spiers J. et al. Matrix metalloproteinase-9 polymorphism contributes to blood pressure and arterial stiffness in essential hypertension // *J Hum Hypertens*. – 2007. – Vol. 21. – P. 861-867.
- 10 Panchenko E.A., Nevzorova V.A., Belov P.S. et al. Polymorphism of matrix metalloproteinases 2 and 9 genes in patients with myocardial infarction combined with metabolic syndrome // *Fundamental research*. – 2014. – Vol. 10. – P. 1964-1970.
- 11 Li J., Lu H., Tao F. et al. Meta-analysis of MMP9-562C/T and the risk of coronary heart disease // *Cardiology*. – 2013. – Vol. 124, №1. – P. 53-59.
- 12 Lin R.T., Chen C.H., Tsai P.C. et al. Sex-specific effect of matrix Metalloproteinase-9 functional promoter polymorphism on carotid artery stiffness // *J Atherosclerosis*. – 2012. – Vol. 223, №2. – P. 416-420.
- 13 Huang R., Deng L., Shen A.N. et al. Associations of MMP1, 3, 9 and TIMP3 Genes Polymorphism with Isolated Systolic Hypertension in Chinese Han Population. *International // J Med Scie*. – 2013. – Vol. 10, №7. – P. 840-847.
- 14 Yadav S.S., Mandal R.K., Singh M.K et al. High serum level of matrix metalloproteinase 9 and promoter polymorphism – 1562 C:T as a new risk factor for metabolic syndrome // *DNA Cell Biol*. – 2014. – Vol. 33, №11. – P. 816-822.

15 Lacchini R., Jacob-Ferreira A.L., Luizon M.R. et al. Common matrix metalloproteinase 2 gene haplotypes may modulate left ventricular remodelling in hypertensive patients // *J Human Hypertension*. – 2012. – Vol. 26. – P. 171-177.

16 da Fonseca A.L.M., Oliveira R.J.B., Santos J.C.A. et al. Matrix metalloproteinases 2 and 9 are CAD more relevant biomarkers than -1, -8, and -12 to separate CAD from non-CAD patients // *Open Biomarkers Journal*. – 2019. – Vol. 9, №1. – P. 22-30.

17 Koch W., de Waha A. et al. Haplotypes and 5A/6A polymorphism of the matrix metalloproteinase-3 gene in coronary disease: case-control study and a meta analysis // *Atherosclerosis*. – 2010. – Vol. 208. – P. 171-176.

18 Zhang F.X., Sun D.P., Guan N. et al. Association between -1562C>T polymorphism in the promoter region of matrix metalloproteinase-9 and coronary artery disease: a meta-analysis // *Genet Test Mol Biomarkers*. – 2014. – Vol. 18, №2. – P. 98-105.

19 Opstad T.B., Pettersen A.Å., Arnesen H. et al. The co-existence of the IL-18 +183 A/G and MMP-9 -1562C/T polymorphisms is associated with clinical events in coronary artery disease patients // *PLoS ONE*. – 2013. – Vol. 8, №9. – P. e74498-1-e74498-11.

20 Padang R., Bannon P., Jeremy R. et al. The genetic and molecular basis of bicuspid aortic valve associated thoracic aortopathy: a link to phenotype heterogeneity // *Ann Cardiothorac Surg*. – 2013. – Vol. 2, №1. – P. 83-91.

21 Taizhanova D., Kalimbetova A., Akilzhanova A. Matrix metalloproteinases genes polymorphism in the development of new cardiovascular events // *Journal of Clinical Medicine of Kazakhstan*. – 2020. – Vol.4, №58. – P. 19-22.

22 Boyum J., Fellingner E., Schmoker J. et al. Matrix metalloproteinase activity in thoracic aortic aneurisms associated with bicuspid and tricuspid aortic valves // *J Thorac Cardiovasc. Surg*. – 2004. – Vol. 127. – P. 686-691.

23 Loscalzo M., Goh D., Loeys B. et al. Familial thoracic aortic dilatation and bicommissural aortic valve: a prospective analysis of natural history and inheritance // *Am J Med Genet A*. – 2007. – Vol. 143A. – P. 1960-1967.

24 Hamosh A., Scott A., Amberger J. et al. Mendelian Inheritance in Man (OMIM), a knowledgebase of human genes and genetic disorders // *Nucleic Acids Res*. – 2002. – Vol. 30, №1. – P. 52-55.

25 Guizani I., Zidi W., Zayani Y. et al. Matrix metalloproteinase-3 predicts clinical cardiovascular outcomes in patients with coronary artery disease: a 5 year cohort study // *Molecular Biology Reports*. – 2019. – Vol. 46, №5. – P. 4699-4707.

26 Liu P.Y., Chen J.H., Li Y.H. et al. Synergistic effect of stromelysin-1 (matrix metallo-proteinase-3) promoter 5A/6A polymorphism with smoking on the onset of young acute myocardial infarction // *Thromb Haemost*. – 2003. – Vol. 90. – P. 132-139.

27 Niu W., Qi Y. Matrix metalloproteinase family gene polymorphisms and risk for coronary artery disease: systematic review and metaanalysis // *Heart*. – 2012. – Vol. 98, №20. – P. 1483-1491.

28 Xu X., Wang L., Xu C. et al. Variations in matrix metalloproteinase 1, -3, and -9 genes and the risk of acute coronary syndrome and coronary artery disease in the Chinese Han population // *Coronary Artery Disease*. – 2013. – Vol. 24, №4. – P. 259-265.

29 Nojiri T., Morita H., Imai Y. et al. Genetic variations of matrix metalloproteinase-1 and -3 promoter regions and their associations with susceptibility to myocardial infarction in Japanese // *Int J Cardiol*. – 2003. – Vol. 92. – P. 181-186.

30 Niu W., Qi Y. Matrix metalloproteinase family gene polymorphisms and risk for coronary artery disease: systematic review and metaanalysis // *Heart*. – 2012. – Vol. 98, №20. – P. 1483-1491.

31 Humphries S., Bauters C., Meirhaeghe A. et al. The 5A6A polymorphism in the promoter of the stromelysin-1 (MMP 3) gene as a risk factor for restenosis// *Eur. Heart J*. – 2002. – Vol. 23, №9. – P. 721-725.

32 Blankenberg S., Rupprecht H.J., Poirier O. et al. Plasma concentrations and genetic variation of matrix metalloproteinase 9 and prognosis of patients with cardiovascular disease // *Circulation*. – 2003. – Vol. 107, №12. – P. 1579-1585.

33 Lacchini R., Metzger I.F., Luizon M. et al. Interethnic differences in the distribution of matrix metalloproteinases genetic polymorphisms are consistent with interethnic differences in disease prevalence // *DNA Cell Biol*. – 2010. – Vol. 29, №11. – P. 649-655.

34 Metzger I.F. et al. Genetic Variants in matrix metalloproteinase-9 gene modify metalloproteinase-9 levels in black subjects // *DNA Cell Biol*. – 2012. – Vol. 31, №4. – P. 504-510.

35 Juan Z., Wei-Guo Z., Heng-Liang S. et al. Association of matrix metalloproteinase 9 C-1562T polymorphism with genetic susceptibility to myocardial infarction: A meta-analysis // *Current Therapeutic Research - Clinical and Experimental*. – 2015. – Vol. 77. – P. 40-45.

36 Wang X., Shi L.-Z. Association of matrix metalloproteinase-9 C1562T polymorphism and coronary artery disease: A meta-analysis // *Journal of Zhejiang University: Science B*. – 2014. – Vol. 15, №3. – P. 256-263.

37 Collaboration F.S., Danesh J. et al. Plasma fibrinogen level and the risk of major cardiovascular diseases and nonvascular mortality: an individual participant meta-analysis // *JAMA*. – 2005. – Vol. 294, №14. – P. 1799-1809.

38 Mannila M.N. et al. Contribution of haplotypes across the fibrinogen gene cluster to variation in risk of myocardial infarction // *Thromb. haemost.* – 2005. – Vol. 93, №3. – P. 570-577.

39 Theodoraki E.V., Nikopentis T., Suhorutshenko J. et al. Fibrinogen beta variants confer protection against coronary artery disease in a Greek case-control study // *BMC med genet.* – 2010. – Vol. 11. – P. 28-1-28-12.

40 Martiskainen M., Oksala N., Pohjasvaara T. et al. Beta-fibrinogen gene promoter A -455 allele associated with poor longterm survival among 55–71 years old Caucasian women in Finnish stroke cohort // *BMC neurol.* – 2014. – Vol. 14. – P. 137-1-137-15.

- 41 Kathiresan S. et al. Common genetic variation in five thrombosis genes and relations to plasma hemostatic protein level and cardiovascular disease risk // *Arterioscler. thromb. vasc. biol.* – 2006. – Vol. 26, №6. – P. 1405-1412.
- 42 Ye Z. et al. Seven haemostatic gene polymorphisms in coronary disease: meta-analysis of 66,155 cases and 91,307 controls // *Lancet.* – 2006. – Vol. 367, №9511. – P. 651-658.
- 43 Bladbjerg E.M. et al. Genetic influence on thrombotic risk markers in the elderly—a Danish twin study // *J. Thromb. haemost.* – 2006. – Vol. 4. – P. 599-607.
- 44 Mannucci P.M. et al. The association of factor V Leiden with myocardial infarction is replicated in 1880 patients with premature disease // *J. thromb. haem.* – 2010. – Vol. 8, №10. – P. 2116-2121.
- 45 Zdravkovic S. et al. Heritability of death from coronary heart disease: a 36-year follow-up of 20 966 Swedish twins // *J. intern. med.* – 2002. – Vol. 252, №3. – P. 247-254.
- 46 Genome-wide association of early-onset myocardial infarction with single nucleotide polymorphisms and copy number variants / Myocardial Infarction Genetics Consortium // *Nat. genet.* – 2009. – Vol. 41, №3. – P. 334-341.
- 47 Kucharska-Newton A.M. et al. Association of the platelet GPIIb/IIIa polymorphism with atherosclerotic plaquemorphology: the Atherosclerosis Risk in Communities (ARIC) Study // *Atherosclerosis.* – 2011. – Vol. 216, №1. – P. 151-156.
- 48 Rivera-García B.E. et al. Platelet glycoprotein IIIA PLA1/A2 polymorphism in young patients with ST elevation myocardial infarction and idiopathic ischemic stroke // *Mol. cell. biochem.* – 2013. – Vol. 384. – P. 163-171.
- 49 Boekholdt S.M. et al. Interaction between a genetic variant of the platelet fibrinogen receptor and fibrinogen levels in determining the risk of cardiovascular events // *Am. heart. J.* – 2004. – Vol. 147, №1. – P. 181-186.
- 50 Aikawa M., Libby P. The vulnerable atherosclerotic plaque: pathogenesis and therapeutic approach // *Cardiovasc. pathol.* – 2004. – Vol. 13, №3. – P. 125-138.
- 51 Zeymer U, Wienbergen H. A review of clinical trials with eptifibatid in cardiology // *Cardiovascular. drug reviews.* – 2007. – Vol. 25, №4. – P. 301-315.
- 52 Lewis S., Ebrahim S., Davey S. Meta-analysis of MTHFR 677C->T polymorphism and coronary heart disease: does totality of evidence support causal role for homocysteine and preventive potential of folate? // *BMJ.* – 2005. – Vol. 331. – P. 1053-1-1053-11.
- 53 Wayne T.F. Methylenetetrahydrofolate reductase C677T polymorphism, venous thrombosis, cardiovascular risk, and other effects // *Angiology.* – 2015. – Vol. 66, №5. – P. 401-404.
- 54 Ashfield-Watt P., Pullin C., Whiting J. et al. Methylenetetrahydrofolate reductase 677C->T genotype modulates homocysteine responses to a folate-rich diet or a low-dose folic acid supplement: a randomized controlled trial // *Am. J. Clin. Nutr.* – 2002. – Vol. 76, №1. – P. 180-186.
- 55 Hickey S., Curry C., Toriello H. ACMG Practice Guideline: lack of evidence for MTHFR polymorphism testing // *Genet. Med.* – 2013. – Vol. 15, №2. – P. 153-156.

56 Mehlig K., Leander K., de Faire U. et al. The association between plasma homocysteine and coronary heart disease is modified by the MTHFR 677C>T polymorphism // *Heart*. – 2013. – Vol. 99, №23. – P. 1761-1765.

57 Chen L., Liu L., Hong K. et al. Three genetic polymorphisms of homocysteine- metabolizing enzymes and risk of coronary heart disease: a meta-analysis based on 23 case- control studies // *DNA Cell Biol.* – 2012. – Vol. 31, №2. – P. 238-249.

58 Singh P., Lele S. Folate Gene Polymorphisms MTR A2756G, MTRR A66G, and BHMT G742A and Risk for Coronary Artery Disease: A Meta-Analysis // *Genet. Test. Mol. Biomarkers.* – 2012. – Vol. 16, №6. – P. 471-475.

59 Lakshmi S., Naushad S., Rupasree Y. et al. Interactions of 5'-UTR thymidylate synthase polymorphism with 677C → T methylene tetrahydrofolate reductase and 66A → G methyltetrahydrofolate homocysteine methyltransferase reductase polymorphisms determine susceptibility to coronary artery disease // *J. Atheroscler. Thromb.* – 2011. – Vol. 18, №1. – P. 56-64.

60 Lakshmi S., Naushad S., Rao D. et al. Oxidative stress is associated with genetic polymorphisms in one-carbon metabolism in coronary artery disease // *Cell Biochem. Biophys.* – 2013. – Vol. 67, №2. – P. 353-361.

61 Ding H., Wu B., Wang H. et al. A novel loss-of-function DDAH1 promoter polymorphism is associated with increased susceptibility to thrombosis stroke and coronary heart disease // *Circ. Res.* – 2010. – Vol. 106, №6. – P. 1145-1152.

62 Valkonen V., Paiva H., Salonen J. et al. Risk of acute coronary events and serum concentration of asymmetrical dimethylarginine // *Lancet*. – 2001. – Vol. 358, №9299. – P. 2127-2128.

63 Faisal AA., Abdullah A., Zainularifeen A. et al. Compound heterozygous LDLR variant in severely affected familial hypercholesterolemia patient // *Acta Biochim Pol.* – 2017. – Vol. 64, №1. – P. 75-79.

64 Rabacchi C., Bigazzi F., Puntoni M. et al. Phenotypic variability in 4 homozygous familial hypercholesterolemia siblings compound heterozygous for LDLR mutations // *J Clin Lipidol.* – 2016. – Vol. 10, №4. – P. 944-952.

65 Abifadel M., Varret M., Rabes J.P. Mutations in PCSK9 cause autosomal dominant hypercholesterolemia // *Nat. Genet.* – 2003. – Vol. 34, №2. – P. 154-156.

66 Webb T.R., Erdmann J., Stirrups K.E. et al. Welcome Trust Case Control Consortium; MORGAM Investigators; Myocardial Infarction Genetics and CARDIoGRAM Exome Consortia Investigators. Systematic Evaluation of Pleiotropy Identifies 6 Further Loci Associated With Coronary Artery Disease // *J. Am. Coll. Cardiol.* – 2017. – Vol. 69. – P. 823-836.

67 Sun X.M., Eden E.R., Tosi I. et al. Evidence for effect of mutant PCSK9 on apolipoprotein B secretion as the cause of unusually severe dominant hypercholesterolaemia // *Hum. Mol. Genet.* – 2005. – Vol. 14. – P. 1161-1169.

68 Han D.F., Ma J.H., Hao C.G. et al. Association and differences in genetic polymorphisms in PCSK9 gene in subjects with lacunar infarction in the Han and Uygur populations of Xinjiang Uygur Autonomous Region of China // *Neural. Regen. Res.* – 2017. – Vol. 12, №8. – P. 1315-1321.

- 69 Keenan T.E., Rader D.J. Genetics of Lipid Traits and Relationship to Coronary Artery Disease // *Curr. Cardiol. Rep.* – 2013. – Vol. 15. – P. 396-1-396-20.
- 70 Teslovich T.M., Musunuru K., Smith A.V. Biological, clinical and population relevance of 95 loci for blood lipids // *Nature.* – 2010. – Vol. 466, №7307. – P. 707-713.
- 71 Willer C.J., Schmidt E.M., Sengupta S. Discovery and Refinement of Loci Associated with Lipid Levels // *Nat. gen.* – 2013. – Vol. 45, №11. – P. 1274-1283.
- 72 Van 'tHof F.N., Ruigrok Y.M., Baas A.F. Impact of inherited genetic variants associated with lipid profile, hypertension, and coronary artery disease on the risk of intracranial and abdominal aortic aneurysms // *Circ. Cardiovasc. Genet.* – 2013. – Vol. 6, №3. – P. 264-270.
- 73 Zhao C., Zhu P., Shen Q. et al. Prospective association of a genetic risk score with major adverse cardiovascular events in patients with coronary artery disease // *Medicine.* – 2017. – Vol. 96, №51. – P. e9473-1-e9473-11.
- 74 Johansen C.T., Hegele R.A. The complex genetic basis of plasma triglycerides // *Curr. Atheroscler. Rep.* – 2012. – Vol. 3. – P. 227-234.
- 75 Oram J.F., Vaughan A.M. ATP-Binding cassette cholesterol transporters and cardiovascular disease // *Circ. Res.* – 2006. – Vol. 99. – P. 1031-1043.
- 76 Howson J.M.M., Zhao W., Barnes D.R. Fifteen new risk loci for coronary artery disease highlight arterial wall-specific mechanisms // *Nat. gen.* – 2017. – Vol. 49, №7. – P. 1113-1119.
- 77 Vickers K.C., Rodriguez A. Human Scavenger Receptor Class B Type I Variants, Lipid Traits, and cardiovascular disease // *Circ. Cardiovasc. Genet.* – 2014. – Vol. 7, №6. – P. 735-737.
- 78 Niemsiri V., Wang X., Pirim D. Impact of Genetic Variants in Human Scavenger Receptor Class B Type I (SCARB1) on Plasma Lipid Traits // *Circ. Cardiovasc. Genet.* – 2014. – Vol. 7, №6. – P. 838-847.
- 79 Mirmiran P., Esfandiari Z., Hosseini-Esfahani F. Genetic variations of cholesteryl ester transfer protein and diet interactions in relation to lipid profiles and coronary heart disease: a systematic review // *Nutrition & Metabolism.* – 2017. – Vol. 14. – P. 77-1-77-18.
- 80 Walia G.K., Gupta V., Aggarwal A. Association of Common Genetic Variants with Lipid Traits in the Indian Population // *PLoS One.* – 2014. – Vol. 9, №7. – P. e101688-1-e101688-13.
- 81 Johansen C.T., Kathiresan S., Hegele R.A. Genetic determinants of plasma triglycerides // *J. Lipid. Res.* – 2011. – Vol. 52, №2. – P. 189-206.
- 82 Ligthart S., de Vries P.S., Uitterlinden A.G. Pleiotropy among common genetic loci identified for cardiometabolic disorders and C-reactive protein // *PLoS One.* – 2015. – Vol. 10, №3. – P. e0118859-1-e0118859-19.
- 83 Baass A., Dubuc G., Tremblay M. et al. Plasma PCSK9 is associated with age, sex, and multiple metabolic markers in a population-based sample of children and adolescents // *Clin. Chem.* – 2009. – Vol. 55, №9. – P. 1637-1645.
- 84 De Castro-Orós I., Solà R., Valls R.M. et al. Genetic Variants of LDLR and PCSK9 Associated with Variations in Response to Antihypercholesterolemic Effects

of Armolipid Plus with Berberine // PLoS One. – 2016. – Vol. 11, №3. – P. e0150785-1-e0150785-11.

85 Paththinige C.S., Sirisena N.D., Dissanayake V. Genetic determinants of inherited susceptibility to hypercholesterolemia – a comprehensive literature review // Lipids Health Dis. – 2017. – Vol. 16. – P. 103-1-103-55.

86 Hiura Y., Shen C.S. et al. Identification of genetic markers associated with high-density lipoprotein-cholesterol by genome-wide screening in a Japanese population: the Suita study // Circ. J. – 2009. – Vol. 73, №6. – P. 1119-1126.

87 Takeuchi F. Association of genetic variants influencing lipid levels with coronary artery disease in Japanese individuals // PLoS One. – 2012. – Vol. 7. – P. e46385-1-e46385-16.

88 Radovica I., Fridmanis D., Vaivade I. et al. The association of common SNPs and haplotypes in CETP gene with HDL cholesterol levels in Latvian population // PLoS One. – 2013. – Vol. 8, №5. – P. e64191-1-e64191-14.

89 Chang M.H., Ned R.M., Hong Y. et al. Racial/ethnic variation in the association of lipid-related genetic variants with blood lipids in the US adult population // Circ. Cardiovasc. Genet. – 2011. – Vol. 4, №5. – P. 523-533.

90 Jayashree S., Arindam M., Vijay K.V. Genetic epidemiology of coronary artery disease: an Asian Indian perspective // J. Genet. – 2015. – Vol. 94, №3. – P. 539-549.

91 Tu Y., Ding H., Wang X. et al. Exploring epistatic relationships of NO biosynthesis pathway genes in susceptibility to CHD // Acta Pharmacol. Sin. – 2010. – Vol. 31, №7. – P. 874-880.

92 Li J., Wu X., Li X. et al. The endothelial nitric oxide synthase gene is associated with coronary artery disease: a meta-analysis // Cardiology. – 2010. – Vol. 116, №4. – P. 271-278.

93 Casas J., Cavalleri G., Bautista L. et al. Endothelial nitric oxide synthase gene polymorphisms and cardiovascular disease: a HuGE review // Am. J. Epidemiol. – 2006. – Vol. 164, №10. – P. 921-935.

94 Salimi S., Naghavi A., Firoozrai M. et al. Association of plasma nitric oxide concentration and endothelial nitric oxide synthase T-786C gene polymorphism in coronary artery disease // Pathophysiology. – 2012. – Vol. 19, №3. – P. 157-162.

95 Levinsson A., Olin A., Björck L. et al. Nitric oxide synthase (NOS) single nucleotide polymorphisms are associated with coronary heart disease and hypertension in the INTERGENE study // Nitric Oxide. – 2014. – Vol. 39. – P. 1-7.

96 Brown B.D., Nsengimana J. et al. An evaluation of inflammatory gene polymorphisms in sibships discordant for premature coronary artery disease: the GRACE-IMMUNE study // BMC med. – 2010. – Vol. 8. – P. 5-1-5-14.

97 Carreras-Torres R., Kundu S. et al. Genetic Risk Score of NOS Gene Variants Associated with Myocardial Infarction Correlates with Coronary Incidence across Europe // PLoS One. – 2014. – Vol. 9, №5. – P. e96504-1-e96504-24.

98 Mehta N.N. A Genome-Wide Association Study in Europeans and South Asians Identifies Five New Loci for Coronary Artery Disease // Nat. Genet. – 2011. – Vol. 43, №4. – P. 465-466.

99 Report on Cardiovascular Health and Diseases in China 2019 / The Writing Committee of the Report on Cardiovascular Health and Diseases in China // Chinese Circulation Journal. – 2020. – Vol. 35. – P. 833-854.

100 Basatemur G.L., Jørgensen H.F., Clarke M.C.H. et al. Vascular smooth muscle cells in atherosclerosis // Nat Rev Cardiol. – 2019. – Vol. 16. – P. 727-744.

101 Cheng Y.C., Sheen J.M., Hu W.L. et al. Polyphenols and oxidative stress in atherosclerosis-related ischemic heart disease and stroke // Oxid Med Cell Longev. – 2017. – Vol. 2017. – P. 8526438-1-8526438-31.

102 Roberts R., Campillo A., Schmitt M. Prediction and management of CAD risk based on genetic stratification // Trends Cardiovasc Med. – 2020. – Vol. 30. – P. 328-334.

103 Leander K., Hallqvist J., Reuterwall C. et al. Family history of coronary heart disease, a strong risk factor for myocardial infarction interacting with other cardiovascular risk factors: results from the Stockholm Heart Epidemiology Program (SHEEP) // Epidemiology. – 2001. – Vol. 12. – P. 215-221.

104 Sakalar C., Gurbuz E., Kalay N. et al. Higher frequency of rs4977574 (the G Allele) on chromosome 9p21.3 in patients with myocardial infarction as revealed by PCR-RFLP analysis. Toho ku // J ExpMed. – 2013. – Vol. 230. – P. 171-176.

105 Hua L. et al. Analysis on the polymorphisms of site RS4977574, andRS1333045 in region 9p21 and the susceptibility of coronary heart disease in Chinese population // BMC Med Genet. – 2020. – Vol. 21. – P. 36-1-36-19.

106 Samani N.J., Erdmann J., Hall A.S. et al. Genomewide association analysis of coronary artery disease // N Engl J Med. – 2007. – Vol. 357. – P. 443-453.

107 Santiago E., Contreras C., Garcia-Sacristan A. et al. Signaling pathways involved in the H₂O₂ - induced vasoconstriction of rat coronary arteries // Free Radic Bio Med. – 2013. – Vol. 60. – P. 136-146.

108 Asai T., Ohkubo T., Katsuya T. et al. Endothelin-1 gene variant associates with blood pressure in obese Japanese subjects: the Ohasama Study // Hypertension. – 2001. – Vol. 38. – P. 1321-1324.

109 Jin J.J., Nakura J., Wu Z. et al. Association of endothelin1 gene variant with hypertension // Hypertension. – 2003. – Vol. 41. – P. 163-167.

110 Ahmed M., Rghigh A. Polymorphism in Endothelin -1 Gene: An Overview // Curr Clin Pharmacol. – 2016. – Vol. 11, №3. – P. 191-210.

111 Park K., Li Q. et al. Serine phosphorylation sites on IRS2 activated by angiotensin II and protein kinase C to induce selective insulin resistance in endothelial cells // Mol Cell Biol. – 2013. – Vol. 33, №16. – P. 3227-3241.

112 Strawbridge A.B., Elmendorf J.S. Phosphatidylinositol 4,5- bisphosphate reverses endothelin-1-induced insulin resistance via an actin-dependent mechanism // Diabetes. – 2005. – Vol. 54. – P. 1698-1705.

113 Strawbridge A.B., Elmendorf J.S. Endothelin-1 impairs glucose transporter trafficking via a membrane-based mechanism // J Cell Biochem. – 2006. – Vol. 97. – P. 849-856.

114 Agirbasli M. et al. Multifactor dimensionality reduction analysis of MTHFR, PAI-1, ACE, PON1, and eNOS gene polymorphisms in patients with early

onset coronary artery disease // *Eur. j. cardiovasc. prev. rehabil.* – 2011. – Vol. 18, №6. – P. 803-809.

115 Van Schie M.C. et al. Variation in the von Willebrand factor gene is associated with von Willebrand factor levels and with the risk for cardiovascular disease // *Blood.* – 2011. – Vol. 117, №4. – P. 1393-1399.

116 Miller S.A., Dykes D.D., Polesky H.F. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells // *Nucleic Acids Research.* – 1988. – Vol. 16, №3. – P. 1215.

117 Karvanen J., Silander K., Kee F. et al. The impact of newly identified loci on coronary heart disease, stroke and total mortality in the MORGAM prospective cohorts // *Genetic Epidemiology.* – 2009. – Vol. 33, №3. – P. 237-246.

118 Samani N.J., Erdmann J., Hall A.S. et al. Genomwide association analysis of coronary artery disease // *N Engl J Med.* – 2007. – Vol. 357, №5. – P. 443-453.

119 Samani N.J., Deloukas P., Erdmann J. et al. Large scale association analysis of novel genetic loci for coronary artery disease // *Arterioscler Thromb Vasc Biol.* – 2009. – Vol. 29, №5. – P. 774-780.

120 Ghazouani L., Khalifa S.B., Abboud N. et al. Association of three polymorphisms selected from a genome – wide association study with coronary heart disease in the Tunisian population // *J Thromb Thrombolysis.* – 2010. – Vol. 29, №1. – P. 114-118.

121 Taizhanova D., Kalimbetova A., Bodaubay R. et al. Genetic Predictors of the Development of Complications after Coronary Stenting // *Journal of Personalized Medicine.* – 2023. – Vol. 13, №1. – P. 14-1-14-6.

ПРИЛОЖЕНИЕ А

Свидетельства об авторском праве

ҚАЗАҚСТАН РЕСПУБЛИКАСЫ  РЕСПУБЛИКА КАЗАХСТАН

СВИДЕТЕЛЬСТВО
О ВНЕСЕНИИ СВЕДЕНИЙ В ГОСУДАРСТВЕННЫЙ РЕЕСТР
ПРАВ НА ОБЪЕКТЫ, ОХРАНЯЕМЫЕ АВТОРСКИМ ПРАВОМ
№ 13260 от «17» ноября 2020 года

Фамилия, имя, отчество, (если оно указано в документе, удостоверяющем личность) автора (ов):
БОДАУБАЙ РОЗА, ТАЙЖАНОВА ДАНА ЖУМАГАЛИЕВНА, ВИСТЕРНИЧАН ОЛЬГА
АЛЕКСАНДРОВНА, КАЛИМБЕТОВА АКЕРКЕ БАУРЖАНОВНА

Вид объекта авторского права: **произведение литературы**

Название объекта: **Анкета для оценки риска развития осложнений на фоне двойной антиагрегантной**
терапии у кардиологических пациентов

Дата создания объекта: **12.11.2020**





Құжат тұлғасқалығын <http://www.kazpatent.kz/ru> сайтының
"Авторлық құқық" бөлімінде тексеруге болады. <https://copyright.kazpatent.kz>

Подлинность документа возможно проверить на сайте kazpatent.kz
в разделе «Авторское право» <https://copyright.kazpatent.kz>

Подписано ЭЦП Оспанов Е.К.

ҚАЗАҚСТАН РЕСПУБЛИКАСЫ



РЕСПУБЛИКА КАЗАХСТАН

**СВИДЕТЕЛЬСТВО
О ВНЕСЕНИИ СВЕДЕНИЙ В ГОСУДАРСТВЕННЫЙ РЕЕСТР
ПРАВ НА ОБЪЕКТЫ, ОХРАНЯЕМЫЕ АВТОРСКИМ ПРАВОМ**

№ 13249 от «16» ноября 2020 года

Фамилия, имя, отчество, (если оно указано в документе, удостоверяющем личность) автора (ов):
**ТАЙЖАНОВА ДАНА ЖУМАГА ПИЕВНА, БАЗАРОВА НАЗИРА КАЗЫБЕКОВНА, КАЛИМБЕТОВА
АКЕРКЕ БАУРЖАНОВНА, БОЛАУБАЙ РОЗА**

Вид объекта авторского права: **произведение литературы**

Название объекта: **Анкета оценки факторов риска при фибрилляции предсердия**

Дата создания объекта: **13.11.2020**



Құжат тұлғасына қатысты <http://www.kazpatent.kz/ru> сайтының
"Авторлық құқық" бөлімінде тексеруге болады. <https://copyright.kazpatent.kz>

Подлинность документа возможно проверить на сайте kazpatent.kz
в разделе «Авторское право» <https://copyright.kazpatent.kz>

Подписано ЭЦП

Оспанов Е.К.

ҚАЗАҚСТАН РЕСПУБЛИКАСЫ



РЕСПУБЛИКА КАЗАХСТАН

СВИДЕТЕЛЬСТВО

О ВНЕСЕНИИ СВЕДЕНИЙ В ГОСУДАРСТВЕННЫЙ РЕЕСТР ПРАВ НА ОБЪЕКТЫ, ОХРАНЯЕМЫЕ АВТОРСКИМ ПРАВОМ

№ 31084 от «14» декабря 2022 года

Фамилия, имя, отчество, (если оно указано в документе, удостоверяющем личность) автора (ов):
ТАЙЖАНОВА ДАНА ЖУМАГАЛИЕВНА, Калимбетова Акерке Бауржановна

Вид объекта авторского права: **произведение литературы**

Название объекта: **"АЛГОРИТМ ПРОГНОЗИРОВАНИЯ РАЗВИТИЯ НОВЫХ СЕРДЕЧНО-СОСУДИСТЫХ СОБЫТИЙ ПОСЛЕ ЧКВ ТЕРІ АРҚЫЛЫ КОРОНАРЫҚ АРАЛАСУДАН КЕЙІН ЖАҢА ЖҮРЕК-ҚАН ТАМЫРЛАРЫ ОҚИҒАЛАРЫНЫҢ ДАМУЫН БОЛЖАУ АЛГОРИТМІ"**

Дата создания объекта: **13.12.2022**



Құжат тұлғасынағын <http://www.kazpatent.kz/ru> сайтының
"Авторлық құқық" бөлімінде тексеруге болады <https://copyright.kazpatent.kz>

Подлинность документа возможно проверить на сайте [kazpatent.kz](https://copyright.kazpatent.kz)
в разделе «Авторское право» <https://copyright.kazpatent.kz>

Подписано ЭЦП

Е. Оспанов

ПРИЛОЖЕНИЕ Б

Акты внедрения



Ф НАО «МУК» 6-2-06

ПП НАО «МУК»

УТВЕРЖДАЮ

Проректор по учебной работе

В.П.Риклефс

«10» 062020 г.

АКТ

Внедрения результатов научно-исследовательской работы

Внедрено: Кафедра внутренних болезней №1 НАО «Медицинский университет Караганда»
(наименование учреждения, где внедряется работа)

Наименование предложения: «Оценка риска развития осложнения на фоне двойной антиагрегантной терапии у кардиологических пациентов».

Работа внедрена в инициативном порядке из объекта авторского права (произведения литературы) «Анкета для оценки риска развития осложнения на фоне двойной антиагрегантной терапии у кардиологических пациентов», свидетельство о внесении сведений в государственный реестр прав на объекты, охраняемые авторским правом № 13260 от 17.11.2020г.

«Анкета для оценки риска развития осложнения на фоне двойной антиагрегантной терапии у кардиологических пациентов». Выдано РГП «Национальный институт интеллектуальной собственности МЮ РК». **Авторы:** Р. Бодаубай ассистент кафедры внутренних болезней №1 НАО «Медицинский Университет Караганды», Д.Ж. Тайжанова д.м.н., профессор, заведующий кафедры внутренних болезней №1 НАО «Медицинский Университет Караганды», О.А. Вистерничан ассоциированный профессор, доктор PhD кафедры внутренних болезней №1 НАО «Медицинский Университет Караганды», А.Б. Калимбетова ассистент кафедры внутренних болезней №1 НАО «Медицинский Университет Караганды».

Форма внедрения: Семинарские/практические занятия с резидентами специальности: «Кардиология взрослая, в т.ч.детская».

Ответственный за внедрение и исполнители: Д.Ж. Тайжанова д.м.н., профессор, заведующая кафедры внутренних болезней №1 НАО «Медицинский Университет Караганды», Р. Бодаубай ассистент кафедры внутренних болезней №1 НАО «Медицинский Университет Караганды».

Эффективность внедрения: Внедрение позволит привить резидентам во время семинарских/практических занятия навыки оценки риска развития осложнения на фоне двойной антиагрегантной терапии у кардиологических пациентов и прогнозирования осложнений.

Предложения, замечания, учреждения, осуществляющего внедрение: нет

Сроки внедрения в течение 2019-2020 уч.г.

Председатель комиссии
Члены (ответственные за внедрение)

Д.Ж.Тайжанова
Р.Бодаубай
О.А.Вистерничан
А.Б.Калимбетова

Исполнитель

Р.Бодаубай

Ф НАО «МУК» 6-2-06

ПП НАО «МУК»

УТВЕРЖДАЮ

Проректор по учебной работе

В.П.Риклефс

«10» 08 2020 г.



АКТ

Внедрения результатов научно-исследовательской работы

Внедрено: Кафедра внутренних болезней №1 НАО «Медицинский университет Караганда»
(наименование учреждения, где внедряется работа)

Наименование предложения: «Диагностика и тактика терапии при ассоциации сердечно-сосудистых заболеваний с коронавирусной инфекцией - Covid 19».

Работа внедрена в инициативном порядке, заимствована из методической рекомендации:
Тайжанова Д.Ж. Сердечно-сосудистые заболевания и COVID 19.- Методическая рекомендация.-Караганда, 2020.-36с. Руководство для врачей в условиях пандемии Covid 19».

Форма внедрения: семинарские/практические занятия с резидентами специальности: «Кардиология взрослая, в т.ч.детская».


Ответственный за внедрение и исполнители: Д.Ж. Тайжанова д.м.н., профессор, заведующая кафедры внутренних болезней №1 НАО «Медицинский Университет Караганды»,

Эффективность внедрения: Внедрение позволит привить резидентам во время семинарских/практических занятия навыки по диагностике, оценке особенностей течения и выбора стратегии терапии при развитии COVID 19 у пациентов с сердечно-сосудистыми заболеваниями.

Предложения, замечания, учреждения, осуществляющего внедрение: нет

Сроки внедрения в течение 2019-2020 уч.г. _____


Председатель комиссии


 Д.Ж.Тайжанова

Члены (ответственные за внедрение)

 О.А.Вистерничан

 С.М.Кабиева

 Р.Бодаубай

 А.Б.Калимбетова

Исполнитель

 Р.Бодаубай

ПРИЛОЖЕНИЕ В

Анкета для оценки риска развития осложнения на фоне двойной антиагрегантной терапии у кардиологических пациентов

Карта № _____

Дата поступления _____

Дата забора крови _____

1. ФИО _____
2. Дата рождения _____, возраст _____
3. Вес _____ кг, рост _____ см,
4. Место рождения _____
5. Место жительства _____
6. Национальность _____
7. Место работы _____
8. Профессиональные вредности _____
9. Курение _____
10. Если да, то сколько сигарет в день _____
11. Сколько лет курите _____
12. Алкоголь _____
13. Если да, то подчеркните как (каждый день, 1 раз в неделю по выходным, 1-2 раза в месяц по праздникам)
14. Характер питания: избыточное питание животными жирами да _____, нет _____
15. Перенесенные заболевания _____
16. Операции _____ (год)
17. Проводили стентирование или АКШ (подчеркнуть), дата _____
18. Развивался ли рестеноз после стентирования (подчеркнуть) _____
19. Кровотечение после стентирования (подчеркнуть) _____
20. Какие препараты принимали после установления стента _____

21. Болели ли родственники сердечно-сосудистыми заболеваниями: да _____, у кого _____, нет _____
22. Если да, то в каком возрасте?
 1. ИМТ (Вес (кг)/Рост (м²)) _____
 2. Окружность живота (на уровне пупка) см _____
 3. Индекс курильщика _____
 4. Артериальное давление _____
 5. Общий показатель холестерина _____
 6. Показатели ЛПНП _____, ЛПВП _____
 7. Общий анализ крови (6 параметров: Hb, WBC, RBC, PLT, ESR, ЦП) _____

8. Коагулограмма (Фибриноген, АЧТВ, МНО, РФМК, ПВ)

ПРИЛОЖЕНИЕ Г

Таблица Г.1 – Панель полиморфизмов, ассоциированных сердечно-сосудистыми событиями после стентирования коронарных артерий

rs	Название гена	Аббревиатура	Хромосома	Локус
1	2	3	4	5
rs1234313	TNFSF4	tumor necrosis factor (ligand) superfamily; member 4	1	1q25.1a
rs2243250	IL4	interleukin 4	5	5q31.1b
rs3850641	TNFSF4	tumor necrosis factor (ligand) superfamily; member 4	1	1q25.1a
rs4986790	TLR4	toll-like receptor 4	9	9q33.1c
rs17576	LOC100128028; MMP9	uncharacterized LOC100128028;matrix metallopeptidase 9	20	20q13.12b
rs3184504	SH2B3; ATXN2	SH2B adaptor protein 3;ataxin 2	12	12q24.12a
rs3782886	BRAP	BRCA1 associated protein	12	12q24.12b
rs1234315	TNFSF4	tumor necrosis factor (ligand) superfamily; member 4	1	1q25.1a
rs17228212	SMAD3	SMAD family member 3	15	15q22.33c
rs788016	HSPD1	heat shock 60kDa protein 1 (chaperonin)	2	2q33.1b
rs2340690	HSPE1;HSPE1- MOB4;HSPD1	heat shock 10kDa protein 1 (chaperonin 10);	2	2q33.1b
rs6725887	ICA1L; WDR12	islet cell autoantigen 1;69kDa-like;WD repeat domain 12	2	2q33.2a
rs1799963	CKAP5; F2	cytoskeleton associated protein 5;coagulation factor II (thrombin)	11	11p11.2b
rs6025	F5	coagulation factor V (proaccelerin; labile factor)	1	1q24.2b
rs1800787	FGB	fibrinogen beta chain	4	4q31.3d
rs1799983	CKAP5;F2	cytoskeleton associated protein 5;coagulation factor II (thrombin)	11	11p11.2b
rs2306374	MRAS	muscle RAS oncogene homolog	3	3q22.3c
rs5918	ITGB3	integrin; beta 3 (platelet glycoprotein IIIa; antigen CD61)	17	17q21.32a
rs1746048			10	10q11.21c
rs688034	SEZ6L	seizure related 6 homolog (mouse)-like	22	22q12.1a
rs5361	SELE	selectin E	1	1q24.2c
rs6922269	MTHFD1L	methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+ dependent) 1-like	6	6q25.1b
rs183130	CETP	cholesteryl ester transfer protein; plasma	16	16q13b

Продолжение таблицы Г.1

1	2	3	4	5
rs1800588	LIPC	lipase; hepatic	15	15q21.3d
rs3843763	PLTP	phospholipid transfer protein	20	20q13.12b
rs268	LPL	lipoprotein lipase	8	8p21.3c
rs326	LPL	lipoprotein lipase	8	8p21.3c
rs17465637	MIA3	melanoma inhibitory activity family; member 3	1	1q41e
rs2229616	MC4R	melanocortin 4 receptor	18	18q21.32b
rs501120			10	10q11.21c
rs2230500	PRKCH	protein kinase C; eta	14	14q23.1c
rs2516839	USF1;ARHGAP30;TSTD1	upstream transcription factor 1;Rho GTPase activating protein 30;	1	1q23.3a
rs2943634			2	2q36.3a
rs599839	CELSR2;PSRC1	cadherin; EGF LAG seven-pass G-type receptor 2;	1	1p13.3b
rs5443	LEPREL2;GNB3;CDCA3;USP5	leprecan-like 2;guanine nucleotide binding protein (G protein); beta polypeptide 3;	12	12p13.31d
rs1042714	ADRB2	adrenoceptor beta 2; surface	5	5q32d
rs8055236	CDH13	cadherin 13	16	16q23.3b
rs2774279	USF1;ARHGAP30;TSTD1	upstream transcription factor 1;Rho GTPase activating protein 30;	1	1q23.3a
rs2073658	USF1;ARHGAP30;TSTD1	upstream transcription factor 1;Rho GTPase activating protein 30;	1	1q23.3a
rs11206510	PCSK9	proprotein convertase subtilisin/kexin type 9	1	1p32.3a
rs383830			5	5q21.1b
rs5370	EDN1	endothelin 1	6	6p24.1b
rs1800779	NOS3	nitric oxide synthase 3 (endothelial cell)	7	7q36.1c
rs1800783	NOS3	nitric oxide synthase 3 (endothelial cell)	7	7q36.1c
rs1051730	NOS3	nitric oxide synthase 3 (endothelial cell)	7	7q36.1c
rs2383206	CDKN2B-AS1	CDKN2B antisense RNA 1	9	9p21.3c
rs10757278	CDKN2B-AS1	CDKN2B antisense RNA 1	9	9p21.3c
rs10116277	CDKN2B-AS1	CDKN2B antisense RNA 1	9	9p21.3c
rs1333049	CDKN2B-AS1	CDKN2B antisense RNA 1	9	9p21.3c
rs2383207	CDKN2B-AS1	CDKN2B antisense RNA 1	9	9p21.3c
rs3803	DNAJB8-AS1;GATA2	DNAJB8 antisense RNA 1;GATA binding protein 2	3	3q21.3c
rs2713604	DNAJB8-AS1;GATA2	DNAJB8 antisense RNA 1;GATA binding protein 2	3	3q21.3c
rs9536314	KL	klotho	13	13q13.1b