

5. Bennett DE, Bertagnolio S, Sutherland D, Gilks CF. The World Health Organization's global strategy for prevention and assessment of HIV drug resistance. *AntivirTher.* 2008;13; Suppl 2: 1- 13.
6. Sayles JN, Wong MD, Kinsler JJ, Martins D, Cunningham WE. The association of stigma with self-reported access to medical care and antiretroviral therapy adherence in persons living with HIV/AIDS. *J Gen Intern Med.* 2009. Oct;24(10):1101-8.
7. Giannattasio A, Albano F, Giacommet V, Guarino A. The changing pattern of adherence to antiretroviral therapy assessed at two time points, 12 months apart, in a cohort of HIV-infected children. *Expert OpinPharmacother.* 2009. Dec;10(17):2773-8.

УДК 575.174.015.3

© Коллектив авторов, 2020

В.В. Эрдман¹, Т.Р. Насибуллин¹, И.А. Туктарова¹, С.Р. Казанцева²,
А.З. Матуа³, О.Е. Мустафина¹, А.В. Полоников⁴, Т.В. Викторова²

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ПОЛИМОРФНОГО МАРКЕРА RS1131341 ГЕНА NQO1 В ПОПУЛЯЦИЯХ ИЗ РАЗНЫХ ЭКОЛОГИЧЕСКИХ РЕГИОНОВ

¹Институт биохимии и генетики УФИЦ РАН, г. Уфа

²ФГБОУ ВО «Башкирский государственный медицинский университет»
Минздрава России, г. Уфа

³Научно-исследовательский институт экспериментальной патологии
и терапии Академии наук Абхазии, г. Сухум

⁴ФГБОУ ВО «Курский государственный медицинский университет»
Минздрава России, г. Курск

С целью исследования роли генов ферментов метаболизма свободных радикалов и токсичных веществ в формировании адаптационного фона, степени восприимчивости к чужеродным агентам и устойчивости к инфекционным заболеваниям проведен сравнительный анализ аллельного состояния гена *NQO1* по полиморфному маркеру rs1131341 в популяциях из разных экологических регионов. Исследовано 2713 человек, принадлежащих к этническим группам русских (n=490), башкир (n=492), татар (n=1529) и абхазов (n=202). Аллельные варианты гена *NQO1* идентифицированы методом ПЦР-ПДРФ. Популяционная гетерогенность анализировалась в программе Arlequin (V. 3.0). Среди четырех этнических групп самый высокий уровень гетерогенности выявлен между группами лиц, проживающих в разных экологических условиях, – абхазами и жителями Республики Башкортостан (P<0,05). Этническая группа абхазов также существенно отличается от представителей других популяций мира (P<0,05). Схожий характер в распространении частот генотипов показали этнические группы татар, башкир и жителей Восточной Азии (P=1).

Ключевые слова: экологическая адаптация, этническая группа, свободные радикалы, метаболизм ксенобиотиков, ген *NQO1*, генетический полиморфизм.

V.V. Erdman, T.R. Nasibullin, I.A. Tuktarova, S.R. Kazantseva,
A.Z. Matua, O.E. Mustafina, A.V. Polonikov, T.V. Viktorova

COMPARATIVE ANALYSIS OF THE POLYMORPHIC MARKER RS1131341 OF THE NQO1 GENE IN POPULATIONS FROM DIFFERENT ECOLOGICAL REGIONS

In order to study the role of the genes of the enzymes of free radical and toxic compounds metabolism in the development of the adaptive background, the susceptibility to extraneous agents and the resistance to infectious diseases, we carried out a comparative analysis of the allelic distribution in the *NQO1* gene of rs1131341 polymorphic marker in populations from different ecological regions. We studied 2713 people belonging to ethnic groups of Russians (n=490), Bashkirs (n=492), Tatars (n=1529) and Abkhazians (n=202). Allelic variants of the *NQO1* gene were identified by PCR-RFLP. Population heterogeneity was analyzed using the Arlequin program (V. 3.0). Among the four ethnic groups, the highest level of heterogeneity was found between groups of people living in different environmental conditions - Abkhazians and residents of the Republic of Bashkortostan (P<0.05). Abkhazians also differ significantly from individuals from other world populations (P<0.05). The ethnic groups of Tatars, Bashkirs, and residents of East Asia showed a similar character of genotypes frequencies distribution (P=1).

Key words: ecological adaptation, ethnic group, free radical, xenobiotic metabolism, *NQO1* gene, genetic polymorphism.

Способность организма противостоять инфекционным заболеваниям во многом зависит от степени его адаптационной устойчивости. В адаптации организма к воздействию разнообразных экзо- и эндогенных факторов активное участие принимает система ферментов, метаболизирующих токсичные продукты обмена веществ. В первую очередь речь идет о системе метаболизма активных форм кислорода (АФК), которые постоянно образуются в процессе дыхания. Поддержание внутриклеточного баланса АФК имеет решающее значение для жизнедеятельности клетки. Они

являются триггерами при запуске неспецифических защитных реакций в иммунном и воспалительном ответе организма, в частности при попадании чужеродных агентов (вирусов, бактерий) [1]. Кроме того, в ответе организма на токсичные вещества главное место занимает система метаболизма ксенобиотиков [2]. Изначально она отвечала за элиминацию из организма побочных продуктов обмена веществ, образующихся в нормальных физиологических условиях. И только с появлением техногенных факторов окружающей среды данная система взяла на себя роль борьбы с

ксенобиотиками, поступающими в организм из окружающей среды.

Эффективность работы ферментов системы детоксикации во многом определяется структурной особенностью кодирующих их генов, поскольку мутации в ДНК приводят к изменению структуры и, соответственно, характера функционирования белковых продуктов [3]. В связи с этим актуальным медико-генетическим направлением является выявление маркеров «генетической устойчивости» к развитию инфекционных заболеваний [4].

Общепризнано влияние этнической принадлежности на специфику функционирования тех или иных ферментов, а следовательно, и на спектр распространения определенных аллелей, ассоциированных с фенотипическими признаками, в частности с развитием конкретных патологий [5]. Таким образом, изучение полиморфных локусов генов ферментов метаболизма АФК и токсичных веществ у лиц, принадлежащих к разным этническим группам, является актуальной задачей для определения ДНК-маркеров инфекционных заболеваний.

Одним из участников системы метаболизма АФК и ксенобиотиков является НАД(Ф)Н-хиноноксидоредуктаза-1 (NAD(P)H quinone oxidoreductase-1 – NQO1), относящийся к классу оксидоредуктаз. Фермент восстанавливает нестабильную и реакционно активную молекулу семихинона до стабильного гидрохинона. Экспрессия гена NQO1 индуцируется в условиях окислительного стресса: содержащиеся в атмосферном смоге полициклические ароматические углеводороды запускают действие транскрипционных факторов (ТФ), участвующих в метаболизме ксенобиотиков [6]. Кроме того, активация NQO1 сопровождается индукцией ТФ Nrf2, который способен блокировать продукцию иммуноглобулина Е (IgE) в В-лимфоцитах [7], задействованного в воспалительной реакции при инфекционных заболеваниях [8].

Полиморфный маркер rs1131341 гена NQO1 обусловлен транзицией 465C>T в 4-м экзоне, приводящей к замене аргинина на триптофан (139R>W). Было показано снижение активности фермента у носителей аллеля NQO1*Т [9]. Согласно базе данных The Ensembl Project (<http://grch37.ensembl.org/index.html>), характер распространения аллелей гена NQO1 по полиморфному маркеру rs1131341 в популяциях разных народов мира варьирует.

Цель исследования заключалась в сравнительном анализе аллельного состояния гена NQO1 по полиморфному маркеру rs1131341 в популяциях из разных экологических регионов.

Материал и методы

Работа выполнена в соответствии с этическими принципами проведения медико-биологических исследований с участием человека в качестве субъекта, закрепленными в Хельсинкской декларации Всемирной медицинской ассоциации. Вся выборка сформирована из лиц, физически сохранных по сердечно-сосудистой и нервной системе. Она включала 2713 человек в возрасте от 1 года до 112 лет и принадлежащих к этническим группам русских (n=490), башкир (n=492), татар (n=1529) и абхазов (n=202). Исследованные лица были отнесены к определенному этносу в соответствии с анкетными данными, включающими сведения об этнической принадлежности предков в трех поколениях.

Забор крови (8 мл периферической венозной крови из локтевой вены) осуществляли в пробирки с глюцициром. ДНК выделяли методом фенольно-хлороформной экстракции. Аллельные варианты полиморфного сайта 465C>T гена NQO1 определяли методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) с последующей обработкой ампликонов эндонуклеазой рестрикции MspI. Условия проведения эксперимента и олигонуклеотидные последовательности подобраны с помощью приложения PrimerSelect 5.05 из пакета программы DNASTar Inc. Фрагменты ДНК электрофоретически разделяли в 7% полиакриламидном геле, окрашивали в 1% растворе этидия бромистого и визуализировали в ультрафиолетовом свете на гель-документирующей системе Mega-Bioprint 1100 (Vilber Lourmat, Франция).

Соответствие наблюдаемых частот генотипов теоретически ожидаемому равновесному распределению Харди-Вайнберга и анализ популяционной гетерогенности тестировали в программе Arlequin (V. 3.0).

Результаты и обсуждение

В этнических группах лиц, проживающих в разных экологических условиях, охарактеризовано аллельное состояние гена NQO1 по полиморфному маркеру rs1131341. Во всех исследованных группах наблюдаемое распределение частот генотипов соответствует теоретически ожидаемому равновесному распределению Харди-Вайнберга ($P > 0,05$), (табл. 1). Результаты этнической гетерогенности анализируемых групп приведены в табл. 2.

Таблица 1

Распределение частот аллелей и генотипов по полиморфному локусу rs1131341 гена NQO1 в четырех этнических группах

Этническая группа	N	Аллель		Генотип			PHWE
		C	T	CC	CT	TT	
		p					
Русские	490	96,04	3,96	92,07	7,93	0,00	0,954
Башкиры	492	96,81	3,19	93,61	6,39	0,00	0,947
Татары	1529	97,39	2,61	94,78	5,22	0,00	0,950
Абхазы	202	92,59	7,41	85,19	14,81	0,00	0,955

Примечание. N – объем выборки; р – частота аллеля (генотипа, %), PHWE – уровень статистической значимости соответствия наблюдаемого распределения частот генотипов закону распределения Харди–Вайнберга.

Таблица 2

Анализ гетерогенности популяций по частотам rs1131341 гена NQO1

Этническая группа	P(χ^2)			
	Русские	Башкиры	Татары	Абхазы
Русские	–	0,449	0,073	0,03
Башкиры	0,049	–	0,385	0,005
Татары	0,004	1,000	–	0,0003
Абхазы	0,196	0,005	0,002	–

Примечание. P(χ^2) – показатели гетерогенности этнических групп по распределению частот аллелей (размещенные над диагональю) и генотипов (размещенные под диагональю).

По распределению частот генотипов исследуемого полиморфного локуса этническая группа русских отличается от группы татар ($P=0,004$) и башкир ($P=0,049$); группа башкир также отличается от абхазов ($P=0,005$). По спектру распространения аллелей в гене NQO1 по полиморфному маркеру rs1131341 этническая группа абхазов проявила наибольшую степень гетерогенности по сравнению с остальными изученными выборками – русскими ($P=0,03$), татарами ($P=0,005$) и башкирами ($P=0,0003$).

Найденные отличия популяции русских от популяций татар и башкир в распределении частот генотипов могут свидетельствовать об участии генов метаболизма свободных радикалов и токсичных соединений в генетической адаптации и формировании фенотипических особенностей этнических групп европеоидов и монголоидов. И хотя изучаемые группы русских, татар и башкир проживают на одной территории, по-видимому, выявленные различия являются результатом древних эволюционно-адаптивных процессов, приводящих к приспособлению генома к экологическим и социальным факторам, таким как, например, характер пищевого поведения, культурные традиции и образ жизни.

Проведен анализ гетерогенности этнических групп, проживающих в разных экологических условиях, – абхазами, с одной стороны, и жителями Республики Башкортостан, с другой. Кроме того, изучаемые нами этнические группы русских, башкир, татар и абхазов сопоставлены с некоторыми этническими группами других регионов планеты. Аллельный и генотипический профили по анализируемому ДНК-маркеру гена NQO1 в популяциях народов мира, а также сравнительный анализ их гетерогенности с изучаемыми нами этническими группа-

ми, населяющими территории Республики Башкортостан и Абхазии, отображены в табл. 3.

В целом этнические группы русских, татар и башкир по распределению частот генотипов изученного полиморфного локуса больше всего схожи с представителями европейских популяций. Группа абхазов проявила существенную гетерогенность по отношению ко всем проанализированным популяциям. Характер генетического профиля по полиморфному маркеру rs1131341 гена NQO1 оказался схож у представителей этнической группы татар, башкир и жителей Восточной Азии ($P=1$).

Гетерогенность популяций, проживающих в разных географических, климатических условиях, свидетельствует о важной роли триггеров внешней среды в формировании генетического профиля. Гены ферментов метаболизма свободных радикалов и токсичных соединений формируют внутриклеточный адаптационный фон, в котором важное место занимают процессы, участвующие в поддержании определенного уровня АФК. В абхазской популяции наблюдается высокая частота аллеля *Т полиморфного маркера rs1131341 гена NQO1. Данный аллель достаточно редко встречается в европейских популяциях и больше распространен среди коренного населения Южной Азии. Он ассоциирован с пониженной активностью фермента, приводящей, в частности, к повышению концентрации активного хинона. Показано, что хинон и его производные участвуют в противомикробных защитных механизмах организма [10]. Таким образом, полученные нами результаты могут свидетельствовать о генетической адаптации к условиям повышенного риска инфекций, характерного для южных регионов планеты, к которым можно отнести и Абхазию.

Анализ гетерогенности этнических групп русских, татар, башкир, абхазов
с некоторыми популяциями мира по частотам генотипов полиморфного маркера rs1131341 гена NQO1

Географический регион	Популяция	N	Аллель С/Т	Генотип СС/СТ/ТТ	Русские	Татары	Башкиры	Абхазы
			n р					
Европа	Финны (FIN)	99	196/298,99/1,01	97/2/097,98/2,02/0	0,006	0,509	0,473	P<0,001
	Британцы (GBR)	91	176/696,7/3,3	85/6/093,41/6,59/0	0,302	0,369	0,540	0,038
	Испанцы (IBS)	107	207/796,73/3,27	100/7/093,46/6,54/0	0,254	0,419	0,548	0,038
	Итальянцы (TSI)	107	209/597,66/2,34	102/5/095,33/4,67/0	0,070	0,768	1	0,008
Южная Азия	Бенгалцы (BEB)	86	165/795,93/4,07	79/7/091,86/8,14/0	0,532	0,150	0,237	0,109
	Гуджаратцы (GIN)	103	195/1194,66/5,34	93/9/190,29/8,74/0,97	0,293	0,060	0,127	0,124
	Тамилы (STU)	102	194/1095,1/4,9	94/6/292,16/5,88/1,96	0,040	0,075	0,274	0,013
Южная Америка	Колумбийцы (CLM)	94	186/298,94/1,06	92/2/097,87/2,13/0	0,009	0,514	0,472	0,001
	Перуанцы (PEL)	85	168/298,82/1,18	83/2/097,65/2,35/0	0,012	0,728	0,702	0,002
Восточная Азия	Южные ханьцы (CHB)	105	202/498,06/1,94	99/4/096,12/3,88/0	0,035	1	1	0,003
	Японцы (JPT)	104	204/498,08/1,92	100/4/096,15/3,85/0	0,038	1	1	0,003
	Вьетнамцы (KHV)	99	195/398,48/1,52	96/3/096,97/3,03/0	0,015	1	0,736	0,003
Африка	Нигерийцы (ESN)	99	198/0100/0	99/0/0100/0/0	P<0,001	0,065	0,067	P<0,001
	Гамбийцы (GWD)	113	226/0100/0	113/0/0100/0/0	P<0,001	0,030	0,060	P<0,001
	Кенийцы (LWK)	99	197/199,49/0,51	98/1/098,99/1,01/0	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P<0,001

Примечание. Аллели и генотипы представлены в абсолютных (n) и относительных (р, %) числах; N – объем выборки; $P(\chi^2)_r$ – показатели гетерогенности этнических групп по распределению частот генотипов.

Выводы

Анализ гетерогенности этнических групп русских, татар и башкир, жителей Республики Башкортостан, представителей коренного населения Абхазии, а также некоторых популяций мира позволил установить схожий спектр частот аллелей и генотипов у русских, татар, башкир и народов Европы. Группа абхазов проявила существенную гетерогенность по отношению ко всем анализируемым популяциям. Популяции татар и башкир оказались наиболее схожими с жителями Восточной Азии.

Работа заняла призовое место в конкурсе научно-исследовательских работ, проводимом в рамках проекта № 20-015-20013 орга-

низации Международной научно-практической конференции «Фундаментальные и прикладные аспекты иммунологии, генетики и инфектологии», получившего поддержку ФГБУ «Российский фонд фундаментальных исследований» (РФФИ).

Исследование выполнено при финансовой поддержке РФФИ и АНА в рамках научного проекта № 19-54-40007; использовались образцы ДНК из коллекции биологических материалов человека ИБГ УФИЦ РАН, поддержанной программой биоресурсных коллекций ФАНО России (соглашение №007-030164/2); работа проведена на оборудовании ЦКП «Биомика» и УНУ «КОДИНК» (ИБГ УФИЦ РАН).

Сведения об авторах статьи:

Эрдман Вера Викторовна – к.б.н., старший научный сотрудник Института биохимии и генетики УФИЦ РАН. Адрес: 450054, г. Уфа, Проспект Октября, 71. Тел. 8(347)235-60-88. E-mail: danivera@mail.ru.

Насибуллин Тимур Русланович – к.м.н., старший научный сотрудник Института биохимии и генетики УФИЦ РАН. Адрес: 450054, г. Уфа, Проспект Октября, 71. Тел. 8(347)235-60-88. E-mail: nasibullintr@yandex.ru.

Туктарова Ильсияр Авхатовна – к.м.н., старший научный сотрудник Института биохимии и генетики УФИЦ РАН. Адрес: 450054, г. Уфа, Проспект Октября, 71. Тел. 8(347)235-60-88. E-mail: iltuk@mail.ru.

Казанцева Светлана Римовна – ассистент кафедры биологии ФГБОУ ВО БГМУ Минздрава России. Адрес: 450008, г. Уфа, ул. Ленина, 3. Тел. 8(347)273-58-75. E-mail: smitana1@mail.ru.

Матуа Алиса Зауровна – к.б.н., доцент НИИ ЭПит АНА. Адрес: 384900, Абхазия, г. Сухум, гора Трапезия, 66. E-mail: azmatua76@mail.ru.

Мустафина Ольга Евгеньевна – д.б.н., профессор, главный научный сотрудник лаборатории физиологической генетики Института биохимии и генетики УФИЦ РАН. Адрес: 450054, г. Уфа, Проспект Октября, 71. Тел. 8(347)235-60-88. E-mail: anmareg@mail.ru.

Полоников Алексей Витальевич – д.м.н., профессор кафедры биологии, медицинской генетики и экологии КГМУ Минздрава России. Адрес: 305041, г. Курск, ул. К. Маркса, д.3. Тел. 8(347)258-81-47. E-mail: polonikovav@kursksmu.net.

Викторова Татьяна Викторовна – д.м.н., профессор, заведующий кафедрой биологии ФГБОУ ВО БГМУ Минздрава России. Адрес: 450008, г. Уфа, ул. Ленина, 3. Тел. 8(347)273-58-75. E-mail: t_vict@mail.ru.

ЛИТЕРАТУРА

1. Plasma advanced oxidative protein products are associated with anti-oxidative stress pathway genes and malaria in a longitudinal cohort / Zhang G. [et al.] // *Malaria journal*. – 2014. – V. 13. – №1. – P. 134-144.
2. Козовый, Р.В. Частота полиморфных вариантов генов II фазы биотрансформации ксенобиотиков GSTT1 и GSTM1 у долгожителей Прикарпатья / Р.В. Козовый, С.В. Подольская, Н.Г. Горovenko // *Успехи геронтологии*. – 2013. – Т. 26, №3. – С. 446-450.
3. Хасанова, Г.М. Ассоциация полиморфных вариантов генов ферментов биотрансформации ксенобиотиков с тяжестью течения геморрагической лихорадки с почечным синдромом / Г.М. Хасанова, Т.В. Викторова // *Сибирский медицинский журнал*. – 2010. – Т. 92, №1. – С. 32-34.
4. Хасанова, Г.М. Актуальные аспекты иммунопатогенеза, витаминно-микроэлементного баланса и лечения геморрагической лихорадки с почечным синдромом: автореф. дис. ... д-ра мед. наук. – М., 2012. – 49 с.
5. Особенности процессов перекисного окисления липидов и антиоксидантной защиты у практически здоровых мужчин / Л.И. Колесникова [и др.] // *Вестник Российской военно-медицинской академии*. – 2012. – №3. – С. 134-137.
6. NAD (P) H: quinone oxidoreductase 1 (NQO1): chemoprotection, bioactivation, gene regulation and genetic polymorphisms / Ross D. [et al.] // *Chemico-biological interactions*. – 2000. – V. 129. – №. 1-2. – P. 77-97. DOI: 10.1016/S0009-2797(00)00199-X.
7. Wan J., Diaz-Sanchez D. Phase II enzymes induction blocks the enhanced IgE production in B cells by diesel exhaust particles // *The Journal of Immunology*. – 2006. – V. 177. – №. 5. – P. 3477-3483. doi: 10.4049/jimmunol.177.5.3477.
8. Железникова, Г.Ф. Иммуноглобулин E: биологическая роль при инфекционных заболеваниях // *Медицинская иммунология*. – 2002. – Т. 4, № 4-5. – С. 515-534.
9. Association of NAD(P)H:quinone oxidoreductase 1 (NQO1) C609T polymorphism with esophageal squamous cell carcinoma in a German Caucasian and a northern Chinese population / Zhang G. [et al.] // *Carcinogenesis*. – 2003. – V. 24. – № 5. – P. 905-909.
10. Srijiwangsa P., Na-Bangchang K. Roles of NAD (P) H-quinone oxidoreductase 1 (NQO1) on cancer progression and chemoresistance // *J Clin Exp Oncol*. – 2017. – V. 4. – P. 2. doi: 10.4172/2324-9110.1000192

REFERENCES

1. Plasma advanced oxidative protein products are associated with anti-oxidative stress pathway genes and malaria in a longitudinal cohort / Zhang G. [et al.] // *Malaria journal*. – 2014. – V. 13. – №. 1. – P. 134-144.
2. Kozovy RV, Podolskaya SV, Gorovenko NG, et al. [Frequency of polymorphic gene variants of the second phase of biotransformation of xenobiotics GSTT1 and GSTM1 in long-livers of the Carpathians]. *Uspekhi gerontologii*. 2013;26(3):446-450. Russian.
3. Khasanova, G.M. Assotsiatsiya polimorfnykh variantov genov fermentov biotransformatsii ksenobiotikov s tyazhest'yu techeniya gemorragicheskoi likhoradki s pochechnym sindromom / G.M. Khasanova, T.V. Viktorova // *Sibirskii meditsinskii zhurnal*. – 2010. – T. 92. № 1. – S. 32-34.
4. Khasanova, G.M. Aktual'nye aspekty immunopatogeneza, vitaminno-mikroelementnogo balansa i lecheniya gemorragicheskoi likhoradki s pochechnym sindromom: avtoref. dis. ... d-ra med. nauk. — Moskva, 2012. — 49 s.
5. Osobennosti protsessov perekisnogo okisleniya lipidov i antioksidantnoi zashchity u prakticheski zdorovykh muzhchik / Kolesnikova L. I. [i dr.] // *Vestnik Rossiiskoi voenno-meditsinskoi akademii*. – 2012. – №. 3. – S. 134-137.
6. NAD (P) H: quinone oxidoreductase 1 (NQO1): chemoprotection, bioactivation, gene regulation and genetic polymorphisms / Ross D. [et al.] // *Chemico-biological interactions*. – 2000. – V. 129. – №. 1-2. – P. 77-97. DOI: 10.1016/S0009-2797(00)00199-X
7. Wan J., Diaz-Sanchez D. Phase II enzymes induction blocks the enhanced IgE production in B cells by diesel exhaust particles // *The Journal of Immunology*. – 2006. – V. 177. – №. 5. – P. 3477-3483. doi: 10.4049/jimmunol.177.5.3477
8. Zheleznikova G.F. Immunoglobulin E: biologicheskaya rol' pri infektsionnykh zabolevaniyakh // *Meditsinskaya immunologiya*. – 2002. – T. 4. – №. 4-5. S. 515-534
9. Association of NAD(P)H:quinone oxidoreductase 1 (NQO1) C609T polymorphism with esophageal squamous cell carcinoma in a German Caucasian and a northern Chinese population / Zhang G. [et al.] // *Carcinogenesis*. – 2003. – V. 24. – № 5. – P. 905-909.
10. Srijiwangsa P., Na-Bangchang K. Roles of NAD (P) H-quinone oxidoreductase 1 (NQO1) on cancer progression and chemoresistance // *J Clin Exp Oncol*. – 2017. – V. 4. – P. 2. doi: 10.4172/2324-9110.1000192

УДК 616.12-008.46:616-08-035

© Т.А. Глебова, П.Ю. Галин, 2020

Т.А. Глебова¹, П.Ю. Галин²

ВЛИЯНИЕ ЭНАЛАПРИЛА НА КЛИНИКО-ИНСТРУМЕНТАЛЬНЫЕ ПАРАМЕТРЫ У ПАЦИЕНТОВ С ХРОНИЧЕСКОЙ СЕРДЕЧНОЙ НЕДОСТАТОЧНОСТЬЮ СО СРЕДНЕЙ ФРАКЦИЕЙ ВЫБРОСА

¹ГАОУЗ «Городская клиническая больница им. Н.И. Пирогова», г. Оренбург

²ФГБОУ ВО «Оренбургский государственный медицинский университет»

Минздрава России, г. Оренбург

Цель. Определить эффективность эналаприла у пациентов с хронической сердечной недостаточностью со средней фракцией выброса с позиций влияния на клинику, параметры центральной гемодинамики и уровень натрийуретического пептида.

Материал и методы. В наше исследование включены 47 пациентов, которым проводилось комплексное клиническое обследование и стандартное эхокардиографическое исследование.

Результаты. За период наблюдения на фоне проводимой терапии выявлено значимое улучшение клинико-функционального состояния. У большинства пациентов применение эналаприла способствует улучшению параметров центральной гемодинамики, увеличению фракции выброса, уменьшению натрийуретического пептида.

Заключение. Использование эналаприла у основной массы пациентов приводит к улучшению клинического состояния и параметров центральной гемодинамики в течение года наблюдения.

Ключевые слова: хроническая сердечная недостаточность, средняя фракция выброса левого желудочка, эналаприл.