

Поліморфізм i/d гена апф та a1166c гена рецептора 1-го типу до ангіотензиногену ii у хворих на артеріальну гіпертензію з супутніми метаболічними розладами

Журавльова Л.В., Кулікова М.В.

Харківський національний медичний університет, м. Харків

Останнім часом артеріальна гіпертензія (АГ) все частіше реєструється в поєднанні з ожирінням, предіабетом, цукровим діабетом 2-го типу (ЦД 2-го типу). Відомо, що активація ренін-ангіотензинової системи (РАС), наявність надлишкової маси тіла є загальними ланками розвитку як АГ, так і супутніх метаболічних розладів. Проте, роль спадкових факторів у розвитку цих патологій досить неоднозначна. Тому, цікавим напрямком є вивчення поліморфізмів генів основних компонентів РАС у хворих на АГ з супутніми метаболічними розладами.

Мета дослідження. Вивчити поліморфізм I/D гена ангіотензин-перетворюючого фермента (АПФ) та A1166C гена рецептора 1-го типу до ангіотензину II (AGTR1) у хворих на АГ з супутніми метаболічними розладами.

Методи дослідження. Обстежено 63 хворих на АГ, які були розділені в залежності від значення індексу маси тіла (ІМТ) на дві групи: першу становили 30 пацієнтів з нормальною масою тіла (ІМТ < 25 кг/м²), другу – 33 пацієнта з підвищеною масою тіла (ІМТ >25 кг/м²). Контрольну групу становили 10 практично здорових осіб. Всім хворим було проведено комплексне загальне клінічне та лабораторно-інструментальне дослідження. Глікемічний профіль оцінювали за допомогою визначення рівня глюкози в плазмі крові натщесерце, інсуліну імуноферментним методом з використанням набору "DRG Instruments GmbH" (Німеччина) та HbA_{1c}. Поліморфізм I/D гена АПФ та A1166C гена AGTR1 визначали методом полімеразної ланцюгової реакції з подальшим електрофорезом за допомогою набору ACE+AGTR1 ООО «Центр Молекулярной Генетики» (Росія).

Результати. В першій групі спостерігалось 9 (30%) пацієнтів з предіабетом. В другій групі у 8 (22,2%) хворих було діагностовано ЦД 2-го типу, предіабет – у 10 (30,3%) хворих. В ході вивчення поліморфізму I/D гена АПФ у хворих 1-ї групи виявлено 3 генотипи: ID – 10 (33,4%) пацієнтів, DD – 17(56,6%) пацієнтів та II – 3 (10%) пацієнта. У хворих другої групи отримано наступний розподіл по генотипах: ID – 16 (47,5%) пацієнтів, DD – 12 (35,4%) пацієнтів та II – 5 (17,1%) пацієнтів. Тобто, в обох групах хворих на АГ достовірно більш значна кількість осіб є носіями D-алелю з проявами несприятливих генотипів ID та DD ($p=,03821$), що збігається з результатами багатьох досліджень. Під час проведення аналізу поліморфізму A1166C гена AGTR1 в 2-й групі з'ясована достовірно вища частота гетерозиготного варіанту (генотип AC) – у 24 (71,7%) хворих ($p=,00748$). Під час проведення аналізу показників периферичної гемодинаміки з'ясовано, що середні значення САТ та ДАТ у пацієнтів 2-ї групи достовірно перевищують аналогічні у хворих 1-ї групи (162,50 (148,00-174,00) мм рт.ст; 98,00 (96,00-108,00) мм рт.ст. та 142,00 (140,00-144,00) мм рт.ст; 90,00 (90,00-94,00) мм рт.ст. відносно; $p<0,05$). В ході аналізу глікемічного профілю встановлено достовірні розбіжності між рівнями глікозильованого гемоглобіну (HbA_{1c}). Медіана цього показника становила 6,97% та 6,87% в першій та другій групах відносно.

Висновки. Отримані дані дозволяють припустити, що поліморфізм A1166C гена AGTR1 має зв'язок з розвитком та поширеністю АГ, ступенем підвищення артеріального тиску, ІМТ та погіршенням вуглеводного обміну. Окрім цього, звертає на себе увагу, що переважна кількість пацієнтів другої групи, які мають AC генотип поліморфізму A1166C гена AGTR1, також є носіями несприятливого D-алелю поліморфізму гена АПФ.