

Скадорва Я.В.

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ПАЦИЕНТОВ С АНДРОГЕННОЙ АЛОПЕЦИЕЙ

Научные руководители: ст. преп. Некрашевич Е.А.,

канд. биол. наук, доц. Рябоконе Н.И.

Кафедра кожных и венерических болезней

Белорусский государственный медицинский университет, г. Минск;

Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, г. Минск

Актуальность. Андрогенная алопеция (АГА) является одной из наиболее распространенных форм облысения. Она может существенно повлиять на психологическое состояние человека, вызывая стресс, низкую самооценку, депрессию, социальную изоляцию и ухудшение качества жизни. Генетическое тестирование на предрасположенность к АГА помогает предупредить развитие облысения, подобрать наиболее эффективные методы профилактики и лечения.

Цель: проанализировать частоту встречаемости рискованных аллелей в группе пациентов с АГА; оценить корреляцию между генетическими вариантами, предрасполагающими к развитию АГА, и выраженностью клинических проявлений.

Материалы и методы. Исследование проводилось в Институте генетики и цитологии НАН Беларуси и медицинском центре «Валерэ» в период с февраля 2023 года по февраль 2024 года. Обследовано 35 лиц (17 мужчин и 18 женщин) в возрасте от 19 лет до 51 года с использованием стандартных методов клинического осмотра. Выраженность клинических проявлений АГА у мужчин оценена по шкале Норвуда, у женщин – по шкале Людвиг. Молекулярно-генетический анализ образцов ДНК, выделенных из буккального эпителия, выполнен методом ПЦР в реальном времени. Статистический анализ данных проведен с использованием методов вариационной статистики.

Результаты и обсуждение. Изучены следующие полиморфные локусы: rs2497938 гена андрогенового рецептора (*AR*), rs1385699 гена рецептора к эктодисплазину A2 (*EDA2R*), rs2073963 гена гистондеацетилазы 9 (*HDAC9*) и rs6047844 межгенной области PAX1-FOXA2, – которые, как известно по литературным данным, ассоциированы с АГА. Частота рискованных аллелей в исследуемой группе составила 87,0, 87,0, 31,4 и 57,1%, соответственно для rs2497938, rs1385699, rs2073963 и rs6047844. При этом частота рискованных аллелей трех полиморфных локусов (rs2497938, rs1385699 и rs6047844) была существенно выше (Хи-квадрат, $p=0,002$), по сравнению со среднепопуляционными данными (1000Genomes), что подтверждает их высокую значимость в развитии АГА.

В подгруппе мужчин 2 рискованных генотипа были выявлены у 8 (47,1%) пациентов, у которых клиническая картина АГА соответствует 2–3 степени; 3 рискованных генотипа – у 8 (47,1%) пациентов, соответствует 4–5 степени; 4 рискованных генотипа – у 1 (5,8%) пациента, соответствует 6 степени. В группе женщин 1 рискованный генотип был выявлен у 4 (22,2%) пациентов, клиническая картина соответствует 1 степени; 2 рискованных генотипа – у 10 (55,6%) пациентов, соответствует 2–3 степени; 3 рискованных генотипа – у 3 (16,6%) пациентов, соответствует 3 степени.

Выводы. На основании полученных данных установлено, что максимальная частота встречаемости рискованных аллелей у пациентов с АГА наблюдается в полиморфных локусах генов *AR* (rs2497938, 87%) и *EDA2R* (rs1385699, 87%). Она существенно превышает среднепопуляционные данные. Так же выявлена тенденция связи между количеством рискованных генотипов и выраженностью клинических проявлений АГА как у мужчин, так и женщин.