

**Генетические маркеры сердечно-сосудистой дисфункции обучающейся молодежи Северного региона****Научный руководитель – Мальцев Виктор Петрович*****Ворона Татьяна Сергеевна****Студент (бакалавр)*

Сургутский государственный педагогический университет, Сургут, Россия

*E-mail: tanya.vorona04@mail.ru*

В человеческом организме с большой вероятностью могут развиваться разнообразные патологии, оказывающие разрушительный эффект на здоровье. Однако, заболевания могут проявляться не только из-за пагубного влияния внешней среды, но и нести наследственный характер [1]. Ввиду этого, каждому человеку необходимо знать не только о физическом состоянии своего организма, но и свою генетическую составляющую в целях предотвращения развития отклонений, поскольку в современности заболевания сердечно-сосудистой системы представляют собой самое распространенное нарушение среди всех патологий в общей структуре заболеваемости населения, ввиду чего качество жизни людей существенно ухудшается [2]. Вместе с тем, в результате анализа полученных результатов, появляется возможность внести коррективы в свой образ жизни с целью поддержания здоровья, а также внести профилактические меры с целью минимизации риска развития патологий.

Исследование проводилось на базе Сургутского государственного педагогического университета, когорту составили 94 обучающихся факультета физической культуры и спорта (среди которых 45 девушек и 49 юношей, каждый из которых дал свое письменное согласие на использование генетического материала), при этом их средний возраст составил 19,25 лет, с присутствием обследуемых, приезжих в ХМАО-Югру из других регионов. В ходе исследования изучались полиморфные маркеры *C825T* гена *GNB*, *G894T* гена *NOS3*, *A1166C* гена *AGTR1*, на основании результатов которых становится возможным определить предрасположенность к артериальной гипертензии и сопутствующим нарушениям.

Данные, полученные в результате анализа частоты встречаемости генотипов и аллелей полиморфного маркера *C825T* гена *GNB*, полиморфного маркера *G894T* гена *NOS3* и полиморфного маркера *A1166C* гена *AGTR1*, позволили определить варианты возможных генотипов среди когорты обследованных. Таким образом, доля дикого гомозиготного нормального варианта генотипа доминирует среди всех исследуемых полиморфных маркеров (46,8%, 54,2%, 65,9% соответственно), а гомозиготный мутантный вариант генотипа, напротив, имеет наименьшее значение (6,3%, 5,3% 6,3% соответственно), что свидетельствует о благоприятной генетической составляющей когорты обследуемых. В этой связи, в результате анализа, были выявлены лица, входящие в группу риска развития патологий, связанных с генетическими составляющими здоровья.

**Источники и литература**

- 1) Арутюнян, Л.В. Особенности течения артериальной гипертензии, связанные с распределением аллелей и генотипов полиморфного маркера *C825T* гена *GNB3* среди больных, проживающих в Ростовской области / Л.В. Арутюнян, Н.В. Дроботя, А.А. Пироженко, С.С. Торосян, В.В. Калтыкова // Вестник Национального медико-хирургического Центра им. Н. И. Пирогова. – 2017. – №12. – С. 66– 69.
- 2) Конради А. О. Современные представления о генетике артериальной гипертензии - мозаичная теория, гены-кандидаты, моногенные формы и широкогеномные исследования / А.О. Конради // Артериальная гипертензия. – 2020. – №5. – С. 490–500.