

ГЕНЕТИКА, ДЕМОГРАФІЯ**ПОЛІМОРФНІ ВАРІАНТИ ГЕНІВ *AGT* (RS4762) ТА *GNB3* (RS5443), ЯК ЧИННИКИ РИЗИКУ ТЯЖЧОГО ПЕРЕБІГУ АРТЕРІАЛЬНОЇ ГІПЕРТЕНЗІЇ**

Воронюк К. О.

м. Чернівці, Буковинський державний медичний університет

Артеріальна гіпертензія (АГ) – одне з найпоширеніших хронічних захворювань у дорослих і провідна причина інвалідності та смертності в усьому світі. На даний час надають велику увагу вивченню генетичної основи есенційної артеріальної гіпертензії (ЕАГ), оскільки генетичний фактор впливає на регуляцію артеріального тиску (АТ) у людини в 30–50 %.

Метою нашого дослідження було оцінити роль поліморфізму генів *AGT* (rs4762) та *GNB3* (rs5443), як чинників ризику тяжчого перебігу АГ.

В одномоментному дослідженні взяло участь 100 хворих на ЕАГ II стадії, 1–3 ступенів підняття АТ, високого та дуже високого серцево-судинного ризику. Серед хворих було 21 % (21) чоловіків, 79 % (79) жінок. Середній вік пацієнтів – (59,86 ± 6,22) років. Групу контролю склали 60 практично здорових осіб, зіставних за віком – (49,13 ± 6,28) років та статевим розподілом (63 % – жінок, 37 % – чоловіків). Для дослідження поліморфізму генів *AGT* (rs4762) та *GNB3* (rs5443) виконали якісну полімеразну ланцюгову реакцію в режимі реального часу.

Розподіл ступенів тяжкості ЕАГ за рівнем АТ залежно від поліморфних варіантів генів *AGT* (rs4762) і *GNB3* (rs5443) показав, що статистично значущих відмінностей у зазначеному вище розподілі між генотипами гена *AGT* (rs4762) не встановили. Дещо частіше (на 22,23 %) виявляли осіб із 1-м ступенем елевації АТ серед хворих на ЕАГ із *CC*-генотипом гена *GNB3* (rs5443), ніж серед таких із *T*-алелем ($\chi^2 = 3,66$; $p = 0,055$).

Епідеміологічний аналіз не підтвердив поліморфні варіанти генів *AGT* (rs4762) та *GNB3* (rs5443) в якості предикторів тяжчого перебігу ЕАГ за ступенями елевації АТ.