

**Оценка влияния полиморфизма некоторых генов на отдаленный прогноз у пациентов, перенесших инфаркт миокарда**

**Солодун Мария Валерьевна**

*Аспирант*

Рязанский государственный медицинский университет имени академика И.П. Павлова,  
Рязанская область, Россия

*E-mail: mariyasolodun@mail.ru*

**Актуальность:** В настоящее время смертность в течение 1 года после инфаркта миокарда (ИМ) сохраняется высокой, несмотря на терапию всеми улучшающими прогноз лекарственными препаратами (ЛП). В качестве одной из причин неблагоприятного прогноза может оказаться полиморфизм генов, ответственных за фармакокинетику и фармакодинамику статинов, антиагрегантов, бета-адреноблокаторов (БАБ), ингибиторов ангиотензинпревращающего фермента (иАПФ), и обуславливающий их недостаточную терапевтическую эффективность.

**Цель:** оценить влияние полиморфизма генов ACE(D/I), SLCO1B1 (Val174Ala), LIPC (C514T), CYP2C19\*2, CYP2C19\*3, ADRB1 (Ser49Gly), ADRB1 (Arg389Gly) на 12-месячного прогноз после ИМ.

**Материалы и методы.** В открытое проспективное исследование было включено 155 человек, перенесших Q-ИМ, в возрасте 45- 75 лет. Участники исследования в течение 1 года от ИМ принимали все рекомендованные для улучшения прогноза препараты - статины, клопидогрел в составе двойной антиагрегантной терапии, БАБ, иАПФ. Пациенты с тяжелой сопутствующей патологией, имеющей самостоятельное негативное влияние на прогноз, в исследование не включались. Генотипирование выполнено методом ПЦР. Прогноз оценивался спустя 12 месяцев по достижению событий комбинированной конечной точки (MACE), включающей смерть от сердечно-сосудистых причин, повторный нефатальный ИМ, госпитализацию по поводу прогрессирующей стенокардии, незапланированную реваскуляризацию коронарного русла. Проводился расчет относительного риска (ОР) и его 95% доверительного интервала (ДИ). Для выявления факторов, независимо влияющих на прогноз, использован многофакторный регрессионный анализ. Статистически значимыми считались различия при  $p < 0,05$ .

**Результаты.** Носительство аллеля Ser полиморфного гена ADRB1 Ser49Gly ассоциировано со статистически значимым увеличением риска неблагоприятных сердечно-сосудистых событий после перенесенного ИМ ( $p=0,016$ ; ОР=1,66; ДИ [1,04; 2,63]). У обладателей аллеля Gly и генотипа GlyGly MACE встречалась значимо реже ( $p < 0,05$ ). По данным многофакторного анализа, независимое влияние на исход продемонстрировали фракция выброса (ФВ) левого желудочка, проведение реперфузионной терапии и полиморфизм (I/D) гена ACE. Значения ФВ < 44% увеличивали риск неблагоприятного исхода в 1,66 раз ( $p=0,04$ ; ДИ [1,14; 2,41]), отсутствие реперфузионной терапии на госпитальном этапе - в 1,8 раз ( $p=0,04$ ; [1,10; 2,93]). Генотип II полиморфного гена ACE (I/D) явился независимым предиктором благоприятного 12-месячного исхода ИМ ( $p=0,01$ ; ОР=0,33; ДИ [0,14; 0,77]). Полиморфные варианты генов SLCO1B1 (Val174Ala), CYP2C19 \* 2, CYP2C19 \* 3, ADRB1 (Arg389Gly), LIPC (C514T) не имели ассоциативной связи с прогнозом после ИМ ( $p > 0,05$ ).

**Заключение:** генотипирование по ACE (I/D) и ADRB1 Ser49Gly может быть рекомендовано для оценки долгосрочного прогноза и повышения эффективности фармакотерапии ИМ посредством персонализированного подхода к выбору ЛП, в частности, при назначении иАПФ и БАБ.