

**МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ
Кафедра молекулярной биологии**

Аннотация к дипломной работе

РЯБЦЕВА
Полина Александровна

**ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ АНГИОГЕНЕЗА У
ПАЦИЕНТОВ С
СЕРДЕЧНО-СОСУДИСТЫМИ ЗАБОЛЕВАНИЯМИ**

Научный руководитель:
канд. биол. наук,
Ю. В. Полухович

Минск, 2025

РЕФЕРАТ

Дипломная работа 51 с., 20 рис., 11 табл., 16 источников.

Ключевые слова: ангиогенез, сердечно-сосудистые заболевания, васкулоэндотелиальный фактор роста (*VEGF*), хроническая обструктивная болезнь легких, полиморфизмы генов *VEGF* и *KDR*.

Объект исследования: полиморфизмы: +936C/T (rs3025039), -634G/C (rs2010963) гена *VEGF* и -906C/T (rs2071559) гена *KDR*.

Цель исследования: исследование полиморфизмов: +936C/T (rs3025039), -634G/C (rs2010963) гена *VEGF* и -906C/T (rs2071559) гена *KDR* у людей с сердечно - сосудистыми заболеваниями.

Материалы и методы: исследование включало 59 образцов венозной крови пациентов с установленными сердечно - сосудистыми заболеваниями. Анализировали полиморфизмы +936C/T (rs3025039), -634G/C (rs2010963) гена *VEGF* и -906C/T (rs2071559) гена *KDR*. Выделение ДНК проводилось фенол - хлороформным методом. Качество и концентрация ДНК оценивались спектрофотометрически. Генотипирование осуществляли методом ПЦР с последующим рестрикционным анализом и электрофорезом.

По результатам молекулярно - генетического анализа было выявлено преобладание аллелей, ассоциированных с нарушением ангиогенеза у пациентов с ССЗ. Полученные результаты показали статистически значимые отличия от контрольной группы, что позволяет рассматривать данные полиморфизмы как потенциальные предикторы риска развития патологии.

Особое внимание уделено аллельным вариантам, участвующим в регуляции экспрессии гена *VEGF* и его рецепторов. Их наличие может определять индивидуальные различия в ангиогенном ответе и влиять на прогрессирование сердечно - сосудистых заболеваний. В дальнейшем эти маркеры могут быть использованы для стратификации пациентов по степени риска и для подбора дальнейшей терапии.

Работа демонстрирует значимость интеграции молекулярно – генетических подходов в кардиологические исследования и подчеркивает необходимость дальнейшего изучения ангиогенных факторов как целей в персонализированной медицине.

РЭФЕРАТ

Дыпломная работа 51 с., 20 мал., 11 табл., 16 крыніц.

Ключавыя словы: ангіягенез, сардэчна - сасудзістыя захворванні, васкулярны эндатэліяльны фактар росту (*VEGF*), хранічная абструктыўная хвароба лёгкіх, палімарфізмы генаў *VEGF* і *KDR*.

Аб'ект даследавання: палімарфізмы +936C/T (rs3025039), -634G/C (rs2010963) гена *VEGF* і -906C/T (rs2071559) гена *KDR*.

Мэта даследвання: вывучэнне палімарфізмаў: +936C/T (rs3025039), -634G/C (rs2010963) гена *VEGF* і -906C/T (rs2071559) гена *KDR* у людзей з сардэчна - сасудзістымі захворваннямі.

Матэрыялы і метады: даследаванне уключала 59 узораў вянознай крыві пацыентаў з устаноўленымі сардэчна - сасудзістымі захворваннямі. Аналізаваліся палімарфізмы +936C/T (rs3025039), -634G/C (rs2010963) гена *VEGF* і -906C/T (rs2071559) гена *KDR*. Выдзяленне ДНК праводзілася фенол - хлараформным метадам. Якасць і канцэнтрацыя ДНК ацэньваліся спектрафатаметрычна. Генатыпаванне ажыццяўлялася метадам ПЦР з наступным рэстрыкцыйным аналізам і электрофарэзам.

Паводле вынікаў малекулярна - генетычнага аналізу было выяўлена пераважанне алеляў, асацыяваных з парушэннем ангіягенезу ў пацыентаў з ССЗ. Атрыманая інфармацыя паказала статыстычна значныя адрозненні ад кантрольнай групы, што дазваляе разглядаць дадзеныя палімарфізмы як патэнцыйныя прадыхадныя рызыкі развіцця паталогіі.

Асобная ўвага нададзена алельным варыянтам, якія ўдзельнічаюць у рэгуляцыі экспрэсіі гена *VEGF* і яго рэцэптараў. Іх наяўнасць можа вызначаць індывідуальныя адрозненні ў ангіягенным адказе і ўплываць на прагрэсаванне сардэчна - сасудзістых захворванняў. У далейшым гэтыя маркеры могуць выкарыстоўвацца для стратыфікацыі пацыентаў паводле ступені рызыкі і для падбору далейшай тэрапіі.

Работа дэманструе значнасць інтэграцыі малекулярна - генетычных падыходаў у кардыялагічныя даследванні і падкрэслівае неабходнасць далейшага вывучэння ангіягенных фактараў як мэтай у персаналізаванай медыцыне.

ABSTRACT

Diploma project 51 p., 20 figures, 11 tables, 16 sources.

Keywords: angiogenesis, cardiovascular diseases, vascular endothelial growth factor (*VEGF*), chronic obstructive pulmonary disease, gene polymorphisms of *VEGF* and *KDR*.

Object of the research: polymorphisms +936C/T (rs3025039), -634G/C (rs2010963) of the *VEGF* gene and -906C/T (rs2071559) of the *KDR* gene.

The aim of the research: to study the polymorphisms +936C/T (rs3025039), -634G/C (rs2010963) of the *VEGF* gene and -906C/T (rs2071559) of the *KDR* gene in individuals with cardiovascular diseases.

Materials and methods: the study included 59 venous blood samples from patients diagnosed with cardiovascular diseases. The polymorphisms +936C/T (rs3025039), -634G/C (rs2010963) of the *VEGF* gene and -906C/T (rs2071559) of the *KDR* gene were analyzed. DNA extraction was performed using the phenol - chloroform method. The quality and concentration of DNA were assessed spectrophotometrically. Genotyping was carried out using PCR followed by restriction fragment length polymorphism analysis and electrophoresis.

Based on the results of molecular genetic analysis, an increased frequency of alleles associated with impaired angiogenesis was identified in patients with CVD. The obtained results revealed statistically significant differences compared to the control group, suggesting that these polymorphisms may serve as potential predictors of disease risk.

Special attention was paid to allelic variants involved in regulating the expression of the *VEGF* gene and its receptors. Their presence may determine individual differences in the angiogenic response and influence the progression of cardiovascular diseases. These markers may be used in the future for patient risk stratification and for personalized treatment selection.

This work highlights the importance of integrating molecular genetic approaches into cardiology research and supports the need for further investigation of angiogenic factors as targets in personalized medicine.