

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ РАЗВИТИЯ ОСТЕАРТРОЗА ТАЗОБЕДРЕННЫХ СУСТАВОВ ПЕРЕНЕСШИХ COVID-19

Шодикулова Г.З., Хасанов О.Г.

Кафедра Внутренних болезней №3.

Самаркандский государственный медицинский университет, Узбекистан.

Остеоартроз тазобедренных суставов (ОТБС) — это хроническое дегенеративное заболевание, приводящее к прогрессирующей утрате функции суставов, боли и снижению качества жизни. Ранняя диагностика ОТБС имеет решающее значение для своевременного начала лечения, предотвращения прогрессирования заболевания и улучшения прогноза для пациентов. Однако клинические проявления на ранних стадиях могут быть малозаметными, что затрудняет диагностику. В связи с этим возникает необходимость в разработке более точных методов раннего выявления ОТБС, в том числе на основе генетических исследований. Целью исследования было изучение клинко-иммунологических и генетических особенностей развития остеоартроза тазобедренных суставов у лиц узбекской популяции перенесших COVID-19 для разработки алгоритма ранней диагностики заболевания.

В связи чем, **целью исследования** было изучение клинко-иммунологических и генетических особенностей развития остеоартроза тазобедренных суставов у лиц узбекской популяции, перенесших COVID-19 для разработки алгоритма ранней диагностики заболевания.

Материалы и методы исследования: Все клинические исследования проведены за период 2021-2023 гг. на базе Самаркандского городского медицинского объединения и Самаркандском филиале Республиканского специализированного научно-практического медицинского центра травматологии и ортопедии. Для проведения настоящей работы использован комплексный подход генетические и статистические методы исследования.

Нами было обследовано 113 больных с достоверным диагнозом ОАТБ, которым были проведены: определение полиморфизма генов COL1A1 и GDF5, ознакомление с историями болезни, протоколами первичного осмотра.

Все больные были разделены на две группы: 1-я группа - 63 больных с ОА ТБС, перенесших COVID-19 и 2-я группа - 50 больных с идиопатическим ОА. Возрастной диапазон пациентов, включенных в исследование, варьировал от 25 до 65 лет. Женщин было больше, чем мужчин (7,32%). Средний возраст больных составил $40,78 \pm 0,95$.

Результаты исследования полиморфизма гена GDF5 у пациентов с ОА в общей группе пациентов ($n=85$) показали, что доля встречаемости неблагоприятного аллеля А несколько превышает этот показатель в группе с АА (20.5% против 19.4%). Большая регистрация аллеля А наблюдалась за счет преобладающей доли его носительства среди пациентов с ОА перенесших COVID-19 ($n=45$), которая составила 46.4%, тогда как с GA ($n=45$) этот показатель составил 52.2%. При этом, в отношении частоты генотипа G/G установлена доля носительства в 27.2% случаях при 39.7% в контроле. В то же время, частота гетерозиготного генотипа G/A среди пациентов общей группы составила 29.2%, то в группе с G/A этот показатель встречался несколько реже (19.3%). Также, как и в отношении аллеля А, случаи носительства неблагоприятных генотипов G/A и A/A в 1А (52.28% и 20.45%, соответственно) и 1В (21.9% и 3.1%, соответственно) подгруппах больных регистрировались чаще по сравнению с GG (19.3% и 1.8%, соответственно).

В наших исследованиях по изучению особенностей носительства полиморфизма гена COL1A1 доля носительства неблагоприятного аллеля А (46,5% против 24.5%; $\chi^2=5.349$; $p=0.021$; OR=1.963; 95%CI: 1.108-3.477) и гетерозиготного генотипа C/A (53.94% против 19.3%; $\chi^2=4.1$ 21; $p=0.045$; OR=2.011; 95%CI: 1.024-3.948) полиморфизма гена COL1A1 в группе пациентов с ОА статистически достоверно превышала таковые среди условно-

здоровых лиц. Полученные данные могут свидетельствовать о возможном вкладе COL1A1 в ранней диагностике ОА.

Анализ распределения частот аллелей показал большую регистрацию доли носителей аллеля С среди пациентов ОА по сравнению с контролем (60.8% против 71.0%). Увеличение частоты данного показателя наблюдалось за счёт увеличения их долей в обеих группах больных, ОА перенесших COVID-19 достигал 43.2%, а в группе иОА пациентов с СС – 26,8%.

