

## Исследование ассоциации полиморфизмов и экспрессии генов $Ca^{2+}$ - транспортирующих белков саркоплазматического ретикулума с тяжестью течения сердечной недостаточности

Вследствие непрерывно увеличивающейся распространенности сердечной недостаточности возрастает потребность в фундаментальных исследованиях, направленных на поиск и выявление предикторов патологических изменений и функциональных возможностей миокарда. Известно, что сердечная недостаточность характеризуется рассогласованием механизмов, участвующих в процессе электромеханического сопряжения кардиомиоцитов и связанных с саркоплазматическим ретикуломом. Данная внутриклеточная структура представляет собой главное депо  $Ca^{2+}$ , основными функциональными белками которого являются  $Ca^{2+}$ -АТФ-аза, осуществляющая обратный захват ионов из миоплазмы, кальсеквестрин, связывающий большую часть  $Ca^{2+}$ , и рианодиновые рецепторы, освобождающие  $Ca^{2+}$  из внутриклеточного депо. Изменение функциональной активности указанных белков определяет сократительную дисфункцию миокарда и формирование сердечной недостаточности. В свою очередь, эффективность работы  $Ca^{2+}$ -транспортирующей системы и, следовательно, риск развития и прогрессирования сердечной недостаточности, может зависеть от полиморфизмов и экспрессии соответствующих генов, обуславливающих структурные особенности белков и их синтез.

В связи с этим, в рамках проекта планируется исследовать связь полиморфизмов и экспрессии генов  $Ca^{2+}$ -АТФ-азы *ATP2A2*, рианодиновых рецепторов *RYR2*, кальсеквестрина *CASQ* с тяжестью течения сердечной недостаточности у больных ишемической болезнью сердца. Полученные результаты могут быть использованы для выявления лиц с наиболее неблагоприятным прогнозом сердечно-сосудистой патологии и подбора индивидуальной терапии (в перспективе, генотерапевтического вмешательства) для профилактики осложнений и снижения инвалидизации и смертности.