



New Day in Medicine
Новый День в Медицине

NDM



TIBBIYOTDA YANGI KUN

Ilmiy referativ, marifiy-ma'naviy jurnal



AVICENNA-MED.UZ



ISSN 2181-712X.
EISSN 2181-2187

6 (92) 2026

**Сопредседатели редакционной
коллекции:**

**Ш. Ж. ТЕШАЕВ,
А. Ш. РЕВИШВИЛИ**

Ред. коллегия:
М.И. АБДУЛЛАЕВ
А.А. АБДУМАЖИДОВ
Р.Б. АБДУЛЛАЕВ
Л.М. АБДУЛЛАЕВА
А.Ш. АБДУМАЖИДОВ
М.А. АБДУЛЛАЕВА
Х.А. АБДУМАДЖИДОВ
Б.З. АБДУСАМАТОВ
У.О. АБИДОВ
М.М. АКБАРОВ
Х.А. АКИЛОВ
М.М. АЛИЕВ
С.Ж. АМИНОВ
Ш.Э. АМОИВ
Ш.М. АХМЕДОВ
Ю.М. АХМЕДОВ
С.М. АХМЕДОВА
Т.А. АСКАРОВ
М.А. АРТИКОВА
Д.Т. АШУРОВА
Ж.Б. БЕКНАЗАРОВ (главный редактор)
Е.А. БЕРДИЕВ
Б.Т. БУЗРУКОВ
Р.К. ДАДАБАЕВА
М.Н. ДАМИНОВА
К.А. ДЕХКОНОВ
Э.С. ДЖУМАБАЕВ
А.А. ДЖАЛИЛОВ
Н.Н. ЗОЛотова
А.Ш. ИНОЯТОВ
С. ИНДАМИНОВ
А.И. ИСКАНДАРОВА
А.С. ИЛЪЯСОВ
Э.Э. КОБИЛОВ
А.М. МАННАНОВ
Д.М. МУСАЕВА
Т.С. МУСАЕВ
М.Р. МИРЗОЕВА
Ф.Г. НАЗИРОВ
Н.А. НУРАЛИЕВА
Ф.С. ОРИПОВ
Б.Т. РАХИМОВ
Х.А. РАСУЛОВ
Ш.И. РУЗИЕВ
С.А. РУЗИБОВЕВ
С.А. ГАФФОРОВ
С.Т. ШАТМАНОВ (Кыргызстан)
Ж.Б. САТТАРОВ
Б.Б. САФОВЕВ (отв. редактор)
И.А. САТИВАЛДИЕВА
Ш.Т. САЛИМОВ
Д.И. ТУКСАНОВА
М.М. ТАДЖИЕВ
А.Ж. ХАМРАЕВ
Б.Б. ХАСАНОВ
Д.А. ХАСАНОВА
Б.З. ХАМДАМОВ
Э.Б. ХАККУЛОВ
Г.С. ХОДЖИЕВА
А.М. ШАМСИЕВ
А.К. ШАДМАНОВ
Н.Ж. ЭРМАТОВ
Б.Б. ЕРГАШЕВ
Н.Ш. ЕРГАШЕВ
И.Р. ЮЛДАШЕВ
Д.Х. ЮЛДАШЕВА
А.С. ЮСУПОВ
Ш.Ш. ЯРИКУЛОВ
М.Ш. ХАКИМОВ
Д.О. ИВАНОВ (Россия)
К.А. ЕГЕЗАРЯН (Россия)
DONG JINCHENG (Китай)
КУЗАКОВ В.Е. (Россия)
Я. МЕЙЕРНИК (Словакия)
В.А. МИТИШ (Россия)
В.И. ПРИМАКОВ (Беларусь)
О.В. ПЕШИКОВ (Россия)
А.А. ПОТАПОВ (Россия)
А.А. ТЕПЛОВ (Россия)
Т.Ш. ШАРМАНОВ (Казахстан)
А.А. ЩЕГОЛОВ (Россия)
С.Н. ГУСЕЙНОВА (Азербайджан)
Prof. Dr. KURBANHAN MUSLUMOV (Azerbaijan)
Prof. Dr. DENIZ UYAK (Germany)

**ТИББИЁТДА ЯНГИ КУН
НОВЫЙ ДЕНЬ В МЕДИЦИНЕ
NEW DAY IN MEDICINE**

*Илмий-рефератив, маънавий-маърифий журнал
Научно-реферативный,
духовно-просветительский журнал*

УЧРЕДИТЕЛИ:

**БУХАРСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ
МЕДИЦИНСКИЙ ИНСТИТУТ
ООО «ТИББИЁТДА ЯНГИ КУН»**

Национальный медицинский
исследовательский центр хирургии имени
А.В. Вишневского является генеральным
научно-практическим
консультантом редакции

Журнал был включен в список журнальных
изданий, рецензируемых Высшей
Аттестационной Комиссией
Республики Узбекистан
(Протокол № 201/03 от 30.12.2013 г.)

РЕДАКЦИОННЫЙ СОВЕТ:

М.М. АБДУРАХМАНОВ (Бухара)
Г.Ж. ЖАРЫЛКАСЫНОВА (Бухара)
А.Ш. ИНОЯТОВ (Ташкент)
Г.А. ИХТИЁРОВА (Бухара)
Ш.И. КАРИМОВ (Ташкент)
У.К. КАЮМОВ (Тошкент)
Ш.И. НАВРУЗОВА (Бухара)
А.А. НОСИРОВ (Ташкент)
А.Р. ОБЛОКУЛОВ (Бухара)
Б.Т. ОДИЛОВА (Ташкент)
Ш.Т. УРАКОВ (Бухара)

6 (92)

2026

Апрель

www.bsmi.uz
https://newdaymedicine.com
E: ndmuz@mail.ru
Тел: +99890 8061882

Received: 20.05.2026, Accepted: 06.06.2026, Published: 10.06.2026

УДК 616.72-002.77:575.174.015.3.

АНАЛИЗ ПОЛИМОРФИЗМА C/T И РАСПРЕДЕЛЕНИЯ ГЕНОТИПОВ У ПАЦИЕНТОВ С РЕВМАТОИДНЫМ АРТРИТОМ

Бафаяев Жамшед Турабович <https://orcid.org/0009-0007-8852-638X>
e-mail: jamshed_bafayev@bsmi.uz

Бухарский государственный медицинский институт имени Абу Али ибн Сины, Узбекистан,
г. Бухара, ул. А. Навои. 1 Тел: +998 (65) 223-00-50 e-mail: info@bsmi.uz

✓ Резюме

Цель исследования - изучить распределение аллелей C и T, а также генотипов C/C, C/T и T/T исследуемого полиморфизма у пациентов с ревматоидным артритом (РА) с наличием и отсутствием метаболического синдрома. В исследование были включены 105 пациентов с РА и 103 практически здоровых лица контрольной группы. Среди пациентов с РА 53 человека имели заболевание без метаболического синдрома, а 52 - РА в сочетании с метаболическим синдромом. Проведен анализ частоты аллелей и распределения генотипов.

Установлено, что во всех исследуемых группах преобладал аллель C и генотип C/C. В основной группе частота аллеля C составила 192 случая, аллеля T - 18 случаев. Генотип C/C выявлен у 89 пациентов, C/T - у 14, T/T - у 2 пациентов. В контрольной группе также доминировали аллель C и генотип C/C, тогда как генотип T/T не обнаружен. У пациентов с РА и метаболическим синдромом отмечено незначительное увеличение частоты аллеля T и генотипа C/T по сравнению с группой РА без метаболического синдрома.

Полученные результаты свидетельствуют о преобладании аллеля C в исследуемой популяции и отсутствии выраженных различий между пациентами с РА в зависимости от наличия метаболического синдрома. Для подтверждения возможной роли аллеля T в развитии РА необходимы дальнейшие исследования на более крупных выборках.

Ключевые слова: ревматоидный артрит, метаболический синдром, генетический полиморфизм, аллели, генотипы, C/T полиморфизм, генетические факторы, аутоиммунные заболевания.

ANALYSIS OF C/T POLYMORPHISM AND GENOTYPE DISTRIBUTION IN PATIENTS WITH RHEUMATOID ARTHRITIS

Jamshed Turabovich Bafayev <https://orcid.org/0009-0007-8852-638X>
e-mail: jamshed_bafayev@bsmi.uz

Bukhara State Medical Institute named after Abu Ali ibn Sina, Uzbekistan, Bukhara, st. A. Navoi. 1 Tel: +998 (65) 223-00-50 e-mail: info@bsmi.uz

✓ Resume

The aim of the study was to study the distribution of C and T alleles, as well as C/C, C/T, and T/T genotypes of the polymorphism under study in patients with rheumatoid arthritis (RA) with and without metabolic syndrome. The study included 105 patients with RA and 103 healthy controls. Among patients with RA, 53 had the disease without metabolic syndrome, and 52 had RA in combination with metabolic syndrome. The analysis of the frequency of alleles and the distribution of genotypes is carried out. It was found that the C allele and the C/C genotype prevailed in all the studied groups. In the main group, the frequency of the C allele was 192 cases, and the T allele was 18 cases. The C/C genotype was detected in 89 patients, C/T in 14, and T/T in 2 patients. The control group was also dominated by the C allele and the C/C genotype, while the T/T genotype was not detected. In patients with RA and metabolic syndrome, there was a slight increase in the frequency of the T allele and C/T genotype compared with the RA group without metabolic syndrome. The results obtained indicate the predominance of the C allele in the study population and the absence of pronounced differences between patients with RA depending on the presence of metabolic syndrome. Further studies on larger samples are needed to confirm the possible role of the T allele in the development of RA.

Keywords: rheumatoid arthritis, metabolic syndrome, genetic polymorphism, alleles, genotypes, C/T polymorphism, genetic factors, autoimmune diseases.

РЕВМАТОИД АРТРИТЛИ БЕМОРЛАРДА C/T ПОЛИМОРФИЗМИ ВА ГЕНОТИП ТАҚСИМОТИНИ ТАҲЛИЛ ҚИЛИШ

Bafaev Jamshed Turabovich <https://orcid.org/0009-0007-8852-638X>
e-mail: jamshed_bafayev@bsmi.uz

Abu Ali ibn Sino nomidagi Buxoro davlat tibbiyot instituti, O'zbekiston, Buxoro sh. A. Navoiy
kochasi 1 Tel: +998 (65) 223-00-50 e-mail: info@bsmi.uz

✓ *Rezyume*

Tadqiqot maqsadi - metabolik sindromi mavjud va mavjud bo'lmagan revmatoid artrit (RA) bilan og'riqan bemorlarda o'rganilayotgan polimorfizmning C va T allellari, shuningdek C/C, C/T va T/T genotiplarining taqsimlanishini o'rganish. Tadqiqotda RA bilan kasallangan 105 nafar bemor va nazorat guruhidagi 103 nafar deyarli sog'lom shaxs ishtirok etdi. RA bilan kasallangan bemorlar orasida 53 nafarida metabolik sindromsiz kasallik, 52 nafarida esa metabolik sindrom bilan birga RA kuzatilgan. Allellar chastotasi va genotiplarning taqsimlanishi tahlil qilindi. Barcha o'rganilgan guruhlarda C alleli va C/C genotipi ustunligi aniqlandi. Asosiy guruhda C allelining chastotasi 192 ta, T allelining chastotasi esa 18 ta holatni tashkil etdi. 89 nafar bemorda C/C, 14 nafarida C/T, 2 nafarida T/T genotipi aniqlandi. Nazorat guruhida ham C alleli va C/C genotipi ustunlik qildi, T/T genotipi esa aniqlanmadi. RA va metabolik sindromi bo'lgan bemorlarda metabolik sindromi bo'lmagan RA guruhiga nisbatan T alleli va C/T genotipi chastotasining biroz oshishi kuzatilgan. Olingan natijalar o'rganilayotgan populyatsiyada C allelining ustunligini va metabolik sindrom mavjudligiga qarab RA bilan og'riqan bemorlar o'rtasida sezilarli farqlar yo'qligini ko'rsatadi. T allelining RA rivojlanishidagi ehtimoliy rolini tasdiqlash uchun kattaroq namunalarda qo'shimcha tadqiqotlar o'tkazish zarur.

Kalit so'zlar: revmatoid artrit, metabolik sindrom, genetik polimorfizm, allellar, genotiplar, C/T polimorfizmi, genetik omillar, autoimmun kasalliklar.

Актуальность

Ревматоидный артрит (РА) представляет собой тяжелое хроническое аутоиммунное заболевание, которое характеризуется не только прогрессирующим воспалительным поражением синовиальной оболочки суставов, приводящим к их разрушению и деформации, но и широким системным воспалительным процессом, затрагивающим многие органы и ткани организма [1, 2]. В последние годы научное сообщество уделяет особое внимание изучению сложных генетических факторов, которые играют ключевую роль в патогенезе развития РА и формировании сопутствующих метаболических нарушений, среди которых наиболее значимым является метаболический синдром. Этот синдром, объединяющий абдоминальное ожирение, инсулинорезистентность, дислипидемию и артериальную гипертензию, тесно связан с хроническим воспалением, создавая порочный круг, усугубляющий течение основного заболевания и повышающий риск сердечно-сосудистых осложнений [3-5].

Глубокий анализ распределения аллелей и генотипов в различных популяциях позволяет не только оценить возможную статистическую ассоциацию конкретных генетических вариантов с повышенным риском развития ревматоидного артрита, но и выявить механизмы, лежащие в основе индивидуальной восприимчивости к болезни [6-8]. Понимание этих генетических предикторов открывает перспективы для разработки персонализированных подходов к диагностике, прогнозированию течения заболевания и выбору таргетной терапии, что в конечном итоге способствует улучшению качества жизни пациентов и снижению инвалидизации.

Целью данного исследования явилось изучение частоты аллелей С и Т, а также распределения генотипов C/C, C/T и T/T среди пациентов с РА, в том числе при наличии метаболического синдрома, и сравнение полученных данных с контрольной группой.

Материал и методы

В исследование были включены 208 человек. Основную группу составили 105 пациентов с ревматоидным артритом. Из них 53 пациента имели РА без метаболического синдрома, а 52 - РА в

сочетании с метаболическим синдромом. Контрольную группу составили 103 практически здоровых лица.

Проведен анализ распределения аллелей С и Т, а также генотипов С/С, С/Т и Т/Т исследуемого полиморфизма.

Результат и обсуждения

В ходе проведенного генетического анализа основной группы пациентов, клинический диагноз которым был установлен как ревматоидный артрит (РА), была зафиксирована выраженная асимметрия в распределении аллелей исследуемого локуса. Аллель С оказался доминирующим вариантом: его суммарная частота составила 192 случая, что свидетельствует о его высокой распространенности в данной популяции. Напротив, аллель Т встречался значительно реже — всего в 18 случаях, что подчеркивает его редкий характер в общей выборке пациентов с РА.

При детализации данных по генотипам в основной группе преобладание гомозиготного варианта С/С было наиболее заметным: этот генотип был выявлен у 89 пациентов. Гетерозиготный генотип С/Т, предполагающий наличие обоих вариантов аллеля, наблюдался у 14 пациентов, тогда как гомозиготный генотип Т/Т, являющийся наиболее редким, был обнаружен лишь у 2 обследованных лиц. Такая структура распределения генотипов указывает на то, что носительство аллеля С является фундаментальной характеристикой данной когорты.

Для более глубокого понимания роли данного полиморфизма в контексте сопутствующих нарушений метаболизма, пациенты с РА были разделены на две подгруппы. В первой подгруппе, включавшей пациентов с РА без признаков метаболического синдрома (МС), картина распределения аллелей сохранила тенденцию к доминированию аллеля С, который определялся в 98 случаях, тогда как аллель Т был зафиксирован в 8 случаях. Распределение генотипов в этой группе также демонстрировало явное преобладание варианта С/С, зарегистрированного у 46 пациентов. Гетерозиготный статус С/Т был выявлен у 6 пациентов, а генотип Т/Т присутствовал только у 1 обследованного, что подтверждает высокую частоту встречаемости аллеля С даже при отсутствии метаболических коморбидностей.

Во второй подгруппе, состоявшей из пациентов с РА и сопутствующим метаболическим синдромом, наблюдались схожие, но несколько отличные количественные показатели. Частота аллеля С составила 94 случая, а аллеля Т - 10 случаев. Генотип С/С был выявлен у 43 пациентов, генотип С/Т - у 8 пациентов, и генотип Т/Т - у 1 пациента. Сравнение данных подгрупп позволяет отметить, что распределение аллелей и генотипов остается относительно стабильным независимо от наличия или отсутствия метаболического синдрома, хотя небольшие количественные различия могут указывать на сложную взаимосвязь между генетическим фоном и метаболическими нарушениями.

Для верификации полученных результатов и оценки базового распределения аллелей в здоровой популяции был сформирован контрольный group, состоящий из лиц без признаков ревматоидного артрита. В этой группе также наблюдалось выраженное преобладание аллеля С, частота которого составила 198 случаев против всего 8 случаев аллеля Т. Распределение генотипов в контрольной группе выглядело следующим образом: генотип С/С встречался у 95 обследованных, генотип С/Т - у 8 лиц, тогда как генотип Т/Т в контрольной группе не был обнаружен вовсе. Отсутствие гомозигот по редкому аллелю Т в контрольной группе дополнительно подчеркивает его низкую частоту в общей популяции и согласуется с данными, полученными в группах пациентов, что позволяет рассматривать аллель С как основной вариант данного локуса как в здоровой популяции, так и среди лиц с ревматоидным артритом.

Обсуждение: анализ полученных данных выявляет четкую тенденцию к доминированию аллеля С и соответствующего ему гомозиготного генотипа С/С как в популяции пациентов, страдающих ревматоидным артритом (РА), так и в контрольной группе здоровых лиц. Такая высокая частота встречаемости варианта С свидетельствует о том, что данный аллель является основным фоном для исследуемой популяции. Напротив, аллель Т и ассоциированный с ним гомозиготный генотип Т/Т регистрируются значительно реже во всех рассмотренных группах, что подтверждает его редкий характер в данной выборке.

При более детальной стратификации пациентов с ревматоидным артритом по наличию сопутствующей патологии было отмечено некоторое увеличение относительной частоты аллеля Т и гетерозиготного генотипа С/Т в группе лиц, у которых РА протекает в сочетании с метаболическим синдромом, по сравнению с подгруппой пациентов с изолированным течением ревматоидного артрита. Данная тенденция может указывать на определенную биологическую связь между данным

генетическим вариантом и нарушением метаболических процессов. Однако статистическая оценка показывает, что выявленные различия между сравниваемыми группами не являются выраженными и не достигают уровня статистической значимости. Это позволяет предположить, что рассматриваемый полиморфизм, вероятно, не играет роли самостоятельного или значимого фактора риска в патогенезе развития метаболического синдрома у пациентов с ревматоидным артритом, и наблюдаемые колебания частот могут быть обусловлены случайными вариациями выборки.

Интересный эпидемиологический аспект представляет собой отсутствие генотипа Т/Т в контрольной группе здоровых лиц при одновременном его выявлении среди пациентов с ревматоидным артритом. Такое распределение может косвенно указывать на то, что наличие двух копий аллеля Т (гомозиготное состояние) ассоциировано с повышенной предрасположенностью к развитию заболевания или влияет на тяжесть его течения. Тем не менее, учитывая небольшую абсолютную частоту данного генотипа, такие наблюдения требуют осторожной интерпретации. Для окончательного подтверждения гипотезы о роли генотипа Т/Т в этиопатогенезе ревматоидного артрита и его возможных фенотипических проявлениях необходимы масштабные многоцентровые исследования с включением более крупных и репрезентативных выборок пациентов.

Заключение

Результаты проведенного генетического анализа убедительно свидетельствуют о том, что в исследуемой популяции абсолютное преобладание наблюдается у аллеля С и соответствующего ему гомозиготного генотипа С/С. Эта генетическая особенность является доминирующей как в общей массе выборки, так и в ее отдельных подгруппах. Напротив, аллель Т и ассоциированный с ним генотип Т/Т встречаются крайне редко, демонстрируя низкую частоту встречаемости как среди пациентов, страдающих ревматоидным артритом (РА), так и среди здоровых доноров, что позволяет рассматривать их как редкие варианты в данной этнической группе.

При более детальном сравнении клинических подгрупп не было обнаружено статистически значимых различий в распределении изучаемых аллелей и генотипов между пациентами с ревматоидным артритом, протекающим на фоне метаболического синдрома, и теми больными РА, у которых метаболические нарушения отсутствуют. Это указывает на то, что данный конкретный генетический локус, вероятно, не является основным независимым фактором, детерминирующим развитие именно метаболических осложнений при РА, либо его влияние нивелируется другими генетическими или средовыми факторами.

Тем не менее, полученные данные представляют существенный научный интерес и могут быть эффективно использованы в дальнейшем для углубленного изучения генетических детерминант риска развития ревматоидного артрита и сопутствующих метаболических нарушений. Они создают необходимую базу для проведения более масштабных исследований, направленных на выявление полиморфизмов, связанных с тяжестью течения заболевания, прогнозированием его исходов и, в перспективе, разработкой персонализированных подходов к диагностике и терапии.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ:

1. Каримкулова БР. К вопросу динамики аутоиммунных ревматических заболеваний. Вестник магистратуры. 2023;(3-2):81-84.
2. Мирхамидов МВ, Н.Д.А. Системное поражение при ревматоидном артрите. 2025.
3. Мусаев АТ, и др. Современные аспекты патогенеза артериальной гипертензии и метаболических нарушений (обзор литературы). Интернаука. 2017;(3-1):30-33.
4. Попкова ТВ. Метаболический синдром при раннем ревматоидном артрите.
5. Усманова ГМ, Гулзода МК. Метаболический синдром: эпидемиологическая характеристика, патогенетические особенности и совершенствование профилактических мероприятий в Республике Таджикистан: диссертация.
6. Кужир ТД. Ревматоидный артрит: исторические и современные аспекты. Молекулярная и прикладная генетика. 2018;24:55-73.
7. Кужир ТД. Полигенная природа ревматоидного артрита. Экологическая генетика. 2019;17(4):77-90. DOI: 10.17816/ecogen17477-90.
8. Зайцева ГВ. Клинический и молекулярно-генетический прогноз развития сухого кератоконъюнктивита при ревматоидном артрите и первичном синдроме Шегрена.

Поступила 20.05.2026