

УДК 577.113.083
© Коллектив авторов, 2022

Р.М. Файзуллина, Р.Р. Гафурова, В.А. Маркелов, В.В. Викторов, К.В. Данилко
**ОПЫТ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ И ОЦЕНКА ЭФФЕКТИВНОСТИ
КОММЕРЧЕСКОГО НАБОРА ДЛЯ ЭКСТРАКЦИИ ГЕНОМНОЙ ДНК
ИЗ ЦЕЛЬНОЙ РАЗМОРОЖЕННОЙ КРОВИ**
*ФГБОУ ВО «Башкирский государственный медицинский университет»
Минздрава России, г. Уфа*

Процессы выделения и очистки ДНК из биологического материала являются одними из наиболее важных и ключевых этапов молекулярно-генетического исследования. Качество исполнения в значительной степени определяет успех и чувствительность всех его последующих этапов, а также правильный и надёжный результат.

Представлен опыт извлечения экстракта ДНК высокой степени концентрации из образцов цельной размороженной крови 169 пациентов, пригодной для последующего генотипирования и его очистки методом колоночной фильтрации коммерческим набором реактивов ExtractDNA Blood (ЗАО «Евроген», Россия)

Материал и методы. Проведена оценка эффективности выбранной нами методики экстракции ДНК по спектрофотометрическим показателям концентрации и чистоты полученных в ходе работы образцов ДНК от примесей, следов консервантов и веществ, ингибирующих анализ.

Результаты и выводы. Учитывая простоту использования настоящего коммерческого набора, безопасность компонентов, входящих в его состав, а также достаточное его количество для последующего анализа спектрофотометрических показателей (средней степени чистоты $(A260/A280) = 1,896$ и средней концентрации $(C) = 56,87$ нг/мкл выделенной ДНК из образцов размороженной крови), можно сделать вывод, что выбранный нами метод колоночной фильтрации коммерческим набором реактивов ExtractDNA Blood (ЗАО «Евроген», Россия) является оптимально пригодным для экстракции ДНК.

Ключевые слова: экстракция ДНК, цельная размороженная кровь, концентрация и чистота ДНК, спектрофотометрические показатели, набор реактивов ExtractDNA Blood.

R.M. Fayzullina, R.R. Gafurova, V.A. Markelov, V.V. Viktorov, K.V. Danilko
**EXPERIENCE IN USING AND EVALUATING THE EFFECTIVENESS
OF A COMMERCIAL DNA EXTRACTION KIT FROM WHOLE THAWED BLOOD
OF PATIENTS WITH BRONCHIAL ASTHMA**

The process of isolation and purification of DNA from biological material is one of the most important and key stages of molecular genetic research on the quality of execution, which largely depends on the success and sensitivity of all its subsequent stages, as well as the correct and reliable initial result.

The data on the experience of using the column filtration method by a commercial set of ExtractDNA Blood reagents (CJSC «Eurogen», Russia) for extracting high-concentration DNA extract and purification from samples of whole thawed blood of 169 patients suitable for subsequent genotyping are presented.

Material and methods. The effectiveness of the DNA extraction technique we have chosen was evaluated by spectrophotometric indicators of the concentration and purity of samples obtained during the work from impurities, traces of preservatives and substances inhibiting its analysis.

Results and conclusions. Taking into account the ease of use of this commercial kit, the safety of the components included in its composition, as well as sufficient spectrophotometric data for subsequent analysis: average purity $(A260/A280) = 1,896$ and average concentration $(C) = 56.87$ ng/ml of isolated DNA from thawed blood samples, it can be concluded that the method of column filtration chosen by us with a commercial set of ExtractDNA Blood reagents (CJSC «Eurogen», Russia) is optimally suitable for DNA extraction.

Key words: DNA extraction, whole thawed blood, concentration and purity of DNA, spectrophotometric indicators, a set of Extract DNA Blood reagents.

По данным Всемирной организации здравоохранения ежегодно в Море в среднем регистрируются три новых наследственных заболеваний, обусловленных изменениями генетической информации, сформированной на различных этапах филогенеза, вследствие изменения последовательности нуклеотидов в молекуле ДНК человека (мутации/полиморфизма), без воздействия или под воздействием различных эндо- и экзогенных факторов [1]. На сегодняшний день разработка, внедрение и использование новейших технологий биомедицины и современных высокотехнологичных методов медицинской генетики позволили выявить и определить множество

персонализированных (индивидуальных) для каждого пациента генетических вариаций, ответственных за формирование патологического процесса, а также факторов, определяющих течение, динамику заболевания и подход к её терапии. Благодаря возможностям персонализированной медицины, которая ориентирована на генетическое исследование (изучение генетических особенностей человека с возможностью выявления генетических полиморфизмов, предрасполагающих к развитию заболеваний) появилась возможность на индивидуальном уровне прогнозировать возникновение заболевания и его течение с учётом уникальных особенностей каждого пациента (физиологиче-

ских, биохимических и поведенческих) под влиянием и воздействием факторов окружающей среды. Сегодня активно ведутся разработки диагностических тест-систем, направленных на поиски ранних маркеров, предикторов и генетических основ патологий с наследственной предрасположенностью [2,3]. Нередко объектом генетических исследований выступают геномная дезоксирибонуклеиновая кислота (ДНК) или внеклеточная ДНК (вкДНК), полученные из разных образцов биологического материала (ткань, кровь и её производные, слюна, букальный эпителий и др.). Ключевыми объектами изучения различных видов ДНК являются однонуклеотидные и структурные вариации (полиморфизмы), которые могут быть использованы в качестве биомаркеров, ответственных и предрасполагающих к развитию тех или иных заболеваний. В перспективе это позволит сформировать так называемые группы риска по изучению болезни ещё на доклиническом этапе, прогнозировать характер и особенности клинического течения, эффективность назначенной терапии, а также оптимально проводить профилактические и реабилитационные мероприятия, основываясь на принципах персонализированной медицины [5]. Возросший интерес изучения нуклеиновых кислот (НК) как молекулярно-генетических биомаркеров различных патологий привёл к развитию новых технологий анализа, что требует стандартизированных методов биобанкирования (сбора, проподготовки и хранения различных видов ДНК-содержащего биоматериала). Качество выделенной ДНК, степень очистки и экстракции влияет на результат разных этапов молекулярно-генетических исследований [6].

Выделение ДНК из биологических образцов является одним из ключевых и исходных этапов молекулярно-генетического анализа, чувствительность которого в значительной степени зависит от эффективности экстракции и очистки нуклеиновых кислот. На сегодняшний день существует достаточно большое количество методов выделения ДНК из широкого спектра биологического материала, основанные на общеизвестных принципах с модификацией и адаптацией коммерческих наборов, каждый из которых имеет свои достоинства и недостатки. Следует отметить, что подавляющая их часть не пригодна для автоматизации, что в свою очередь повышает риски контаминации ДНК практически на любой стадии выбранной методики её выделения и затрудняет дальнейшую верификацию генетических маркеров. Основной задачей

этапа выделения является получение ДНК высокой степени очистки для последующего её использования в постановке реакции амплификации, проведения обратной транскрипции, детектирования накопления продуктов амплификации методом ПЦР в реальном времени, гибридизации, секвенса и т.д., выполнение которых становится невозможно без предварительной очистки нуклеиновых кислот. При выборе метода необходимо учитывать все предъявляемые к нему требования и осуществлять оптимальный его выбор в зависимости от реализуемой цели и задачи молекулярно-генетического исследования.

Цель работы – представить данные по опыту использования и оценки эффективности применения оптимизированного метода колоночной фильтрации коммерческим набором реактивов ExtractDNA Blood (ЗАО «Евроген», Россия) с целью извлечения и очистки экстракта ДНК высокой степени концентрации из образцов цельной размороженной крови, пригодной для последующего генотипирования.

Материал и методы

В соответствии с регламентирующими правилами биобанкирования в исследование были отобраны образцы цельной венозной крови. Все протоколы исследования были одобрены локально этическим комитетом ФГБОУ ВО БГМУ Минздрава России. До включения в исследование все его участники дали добровольное информированное согласие на взятие биологического материала, его хранение и последующее использование в молекулярно-генетическом исследовании с полным сохранением анонимности получаемых данных и ограниченности доступа к ним. Забор цельной венозной крови осуществлялся натощак в объёме 4 мл с использованием вакуумной системы в пробирки, содержащие в качестве антикоагулянта трикалийевый этилендиаминтетраацетат – ЭДТА-К3 (IMPROVE, China), являющийся наиболее экономичным и удобным типом образцов для последующей экстракции и исследования геномной ДНК [7]. Забор биологического материала проводился в условиях процедурного кабинета с последующей его транспортировкой для хранения в ЦНИЛ ФГБОУ ВО БГМУ Минздрава России в морозильных камерах под контролем температурного режима от –25 до –34 °С, срок хранения варьировался от нескольких недель до нескольких месяцев. Выделение геномной ДНК высокой степени концентрации и очистки проводилось с использованием коммерческого набора реактивов «ExtractDNA Blood» (Россия), основанного на методике лизиса

клеток крови, приводящего к высвобождению содержащихся в них нуклеиновых кислот, последующей их сорбции, очистки на микроцентрифужных колонках и элюции ДНК в водный раствор. В соответствии с инструкцией по применению, выделенная геномная ДНК может быть пригодна для проведения анализа и выявления полиморфизма в геноме человека методом ПЦР, ПЦР-РВ, ферментативных реакций, проподготовки для секвенирования по методу Сэнгера и NGS-секвенирования.

Температурная инкубация осуществлялась с использованием твердотельного термостата «Термит» (ДНК-Технология, Россия), рассчитанного на использование пробирок типа Эппендорф объёмом 1,5 мл. Центрифугирование проводилось с применением настольной мини-центрифуги СМ-50 («Эппендорф») (ELMI, Латвия) с угловым ротором при возможности одновременного размещения 12 пробирок объёмом от 0,5 до 2 мл.

Анализ эффективности экстракции и очистки ДНК был основан на определении спектрофотометрических показателей её концентрации (С) и чистоты (A_{260}/A_{280}) с использованием спектрофотометра Nano-PhotometerTM P 330 (Implen GmbH Schatzbogen 52 D-81829, München, Германия) с оценкой оптической плотности (D) образцов биологического материала при длине волн 260 и 280 нм. Определение концентрации нуклеиновых кислот в пробе рассчитывалось по оптической плотности (E) при длине волны 260 нм с последующим перерасчётом с помощью встроенной в спектрофотометр программы. Оценка чистоты выделенной ДНК проводилась по соотношению показателей поглощения при длине волны 260 нм к поглощению при длине волны 280 нм (A_{260}/A_{280}). Показатель соотношения значений $A_{260}/A_{280} \geq 1,7$ -1,9 указывает на 7 указывают на недостаточную очистку пробы от загрязнений, которые могли быть вызваны наличием органических соединений, хаотропных агентов или других поглотителей УФ, которые не были удалены во время выделения препарата. Данные о пациентах, полученные в ходе проводимого исследования, были внесены в сформированную базу данных в программе Microsoft Office Excel с дальнейшей статистической обработкой и анализом исходной информации. Числовые показатели выражены в виде средней арифметической величины и среднеквадратического отклонения ($X \pm \sigma$).

Результаты и обсуждение

Процесс экстракции (выделение, качественной и количественной оценки) ДНК из биологического материала является одним из

наиболее важных и ключевых этапов молекулярно-генетического исследования, от качества выполнения этого процесса в значительной степени зависят успех и чувствительность всех его последующих этапов, а также правильный и надёжный исходный результат [6]. Цельная размороженная кровь является оптимальным типом биологического материала для выделения нуклеиновых кислот с последующим проведением ПЦР анализа или другого вида молекулярно-генетического исследования, что непосредственно связано с достаточным содержанием в ней ДНК (20000–40000 нг/мл). Но в свою очередь сам процесс экстракции ДНК из образцов цельной крови имеет ряд дополнительных трудностей в связи с наличием в биологическом материале большого количества примесей [8].

На сегодняшний день существует большое количество методов, которые позволяют выделить ДНК из широкого спектра биологического материала. Перед нами стояла задача выбора оптимального метода экстракции геномной ДНК высокого качества из образцов размороженной цельной крови высокой степени очистки и концентрации, пригодной для дальнейшего её применения. Для работы с образцами размороженной крови нами была выбрана методика экстракции ДНК посредством колоночной фильтрации с применением коммерческого набора реактивов ExtractDNA Blood (ЗАО «Евроген», Россия). Согласно инструкции к набору реактивов (Руководство по применению ExtractDNA Blood), использованный метод позволяет выделить от 0,5 до 5 мкг суммарной ДНК высокой степени очистки из 100 мкл цельной крови. Срок годности выделенной ДНК до года в морозильной камере при температурном режиме от -25 до -15 °С. Особого внимания заслуживает простота указанного метода, являющаяся одним из ключевых условий при выборе данного способа исследования, так как многоэтапность повышает риск контаминации ампликонов нуклеиновых кислот на преаналитическом и аналитическом этапах исследования и, как следствие, повышает риск получения ложноположительных или ложноотрицательных результатов. Для выделения геномной ДНК были отобраны образцы цельной крови 169 пациентов. Все этапы выделения и очистки проводились согласно протоколу производителя с соблюдением всех мер предосторожности. Процесс выделения и очистки геномной ДНК с использованием коммерческого набора реактивов ExtractDNA Blood (ЗАО «Евроген», Россия) включал в себя 3 последовательных этапа (см. рисунок).

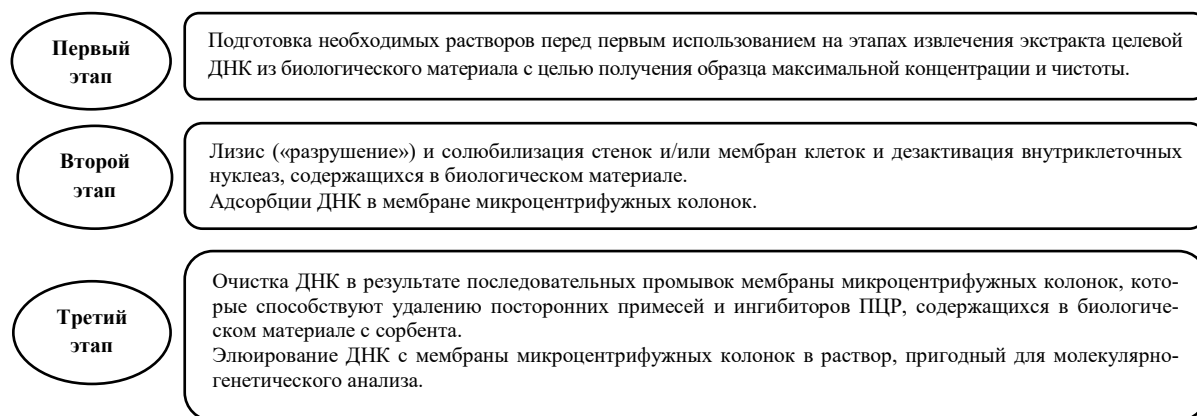


Рис. Этапы выделения и очистки геномной ДНК с использованием коммерческого набора реактивов ExtractDNA Blood (ЗАО «Евроген», Россия)

В состав указанного набора входят, как уже готовые для работы растворы, так и растворы, требующие подготовки перед первым их использованием. Правильное приготовление и последующее хранение набора имеет существенное значение для получения достаточного количества качественного препарата геномной ДНК. Последовательность проделанной нами работы по выделению ДНК с использованием коммерческого набора ExtractDNA Blood (ЗАО «Евроген», Россия) выглядит следующим образом:

1. Подготовка растворов перед первым использованием на этапах извлечения экстракта целевой ДНК из биологического материала включает:

а) подготовку раствора для промывки мембраны микроцентрифужных колонок, которая проводилась путём добавления 75 мл 96% этилового спирта во флакон с концентрированным промывочным раствором;

б) подготовку раствора «Протеиназы К», путём перемешивания пипетированием 600 мкл «Буфера для растворения протеиназы К» с «лиофилизированной протеиназой К», избегая пенообразования, с последующим инкубированием полученного раствора в течение 1-2-х минут при комнатной температуре и центрифугированием.

2. Подготовка свежей смеси для лизиса путём смешивания 3–4-кратным переворачиванием 100 мкл «лизирующего раствора» и 10 мкл раствора «Протеиназы К».

3. В день выделения ДНК все образцы цельной замороженной крови в пробирках, содержащих ЭДТА-К3, пациентов с бронхиальной астмой были проверены на их пригодность для включения в работу (отсутствие сгустков, инородной взвеси), все пробирки были герметично закрыты, целостность сохранена. Разморозка образцов крови осуществлялась при комнатной температуре с последующим пере-

носом 100 мкл каждого образца в пластиковые пробирки объёмом 1,5 мл типа Эппендорф с крышкой и замком Safe-loc (Eppendorf AG, Germany) и маркировкой в соответствии с нумерацией пробирки с ЭДТА-К3.

4. Внесение 100 мкл свежей смеси для лизиса в пробирки с образцами размороженной крови с последующим 3–4-кратным переворачиванием и перемешиванием посредством мини-центрифуги-вортекса «Микроспин» FV-2400 (BioSan, Латвия).

5. Инкубирование пробирок в предварительно прогретом термостате при температуре +56 °С в течение 10 минут с 2–3-кратным перемешиванием.

6. Внесение в каждую пробирку 100 мкл 96% этилового спирта с последующим тщательным перемешиванием.

7. Внесение в каждую пробирку 400 мкл «связывающего раствора М» с последующим тщательным перемешиванием до получения гомогенного раствора.

8. Перенос 700 мкл полученной смеси в предварительно промаркированные колонки с последующим помещением в собирательные пробирки и центрифугированием в течение 30 секунд при 8000 g.

9. Перенос микроцентрифужной колонки в новые собирательные пробирки для последующей очистки ДНК с добавлением в них предварительно подготовленного «Промывочного раствора».

10. Повторный перенос микроцентрифужной колонки в новые собирательные пробирки для последующей очистки ДНК с добавлением в них предварительно подготовленного «Промывочного раствора».

11. Центрифугирование пустых микроцентрифужных колонок в собирательных пробирках в течение 1 минуты с целью полного удаления остатков «Промывочного раствора».

12. Перенос микроцентрифужной ко-

лонки в предварительно пронумерованные в пластиковые пробирки объемом 1,5 мл типа Эппендорф, при открытой колонке в течение 5 минут для испарения остатка 96% этилового спирта.

13. Нанесение в центр мембраны микроцентрифужной колонки по 50 мкл предварительно прогретого «Элюирующего раствора» для инкубирования с закрытой крышкой колонки в течение 1 минуты при комнатной температуре с последующим центрифугированием в течение 30 секунд при 10 000 g с целью сбора очищенной ДНК.

14. Повторное центрифугирование использованной микроцентрифужной колонки полученным раствором очищенной ДНК для увеличения итоговой концентрации.

Оценка выбранного нами метода экстракции ДНК с использованием коммерческого набора реактивов проводилась по таким критериям, как: безопасность, доступность, простота применения. Эффективность экстракции и очистки ДНК определялась по спектрофотометрическим показателям концентрации и чистоты. Набор реагентов ExtractDNA Blood (ЗАО «Евро-

ген», Россия) в своем составе содержит безопасные и не токсичные для человека компоненты, которые позволяют выделить ДНК практически из любого объема биологического материала. Указанный метод не требовал необходимости приобретения специального оборудования, так как настоящее исследование проводилось на материально-технической базе лаборатории клеточных культур ЦНИЛ ФГБОУ ВО БГМУ Минздрава России. Технология достаточно проста с использованием методики на основе колоночной фильтрации, хорошо и структурированно описана в руководстве по применению набора «ExtractDNA Blood», в котором также представлен перечень возможных проблем, возникших на разных этапах экстракции ДНК, и способов их устранения.

Представлены данные показателей концентрации и чистоты, определенные спектрофотометрическим методом по уровню поглощения образцами волн определенной длины (A260/A280), как оснований ключевых факторов, влияющих на последующую эффективность молекулярно-генетического анализа представлены в таблице.

Таблица

Результаты измерений спектрофотометрических показателей концентрации и чистоты ДНК, полученных из образцов замороженной крови пациентов с бронхиальной астмой с использованием коммерческого набора реактивов «ExtractDNA Blood» (ЗАО «Евроген», Россия)

№ образца	С, нг/мкл	A260/A280	№ образца	С, нг/мкл	A260/A280	№ образца	С, нг/мкл	A260/A280
1	20,5	1,90	58	36	1,90	115	35	1,76
2	48	1,85	59	69	1,87	116	33	1,87
3	63	1,83	60	34	1,97	117	17	1,85
4	8,5	1,89	61	68	1,86	118	26,5	1,86
5	18,5	1,85	62	97	1,92	119	33	1,82
6	9	2,00	63	17	1,88	120	41,5	1,88
7	35	1,89	64	34,5	1,91	121	10	1,78
8	71	1,87	65	110	1,88	122	36	1,82
9	27	1,86	66	43	1,95	123	26,5	1,83
10	53,5	1,85	67	69	1,91	124	48	1,91
11	42,5	1,85	68	72	1,90	125	32,5	2,0
12	118	1,83	69	51	1,92	126	24,5	1,68
13	30	1,94	70	40	2,00	127	29	2,0
14	179	1,85	71	48	1,83	128	30,5	1,84
15	7	2,00	72	130	1,87	129	39,5	1,82
16	57	1,90	73	33	1,88	130	43,5	1,87
17	52,5	1,80	74	57	1,91	131	52	1,91
18	28,5	1,90	75	108	1,81	132	42,5	1,92
19	11	2,00	76	46,5	1,93	133	34	2,2
20	130	1,90	77	23,5	2,00	134	39,5	1,97
21	38,5	1,90	78	26,5	1,96	135	27,5	1,82
22	65	1,90	79	85,5	1,80	136	26	1,86
23	58,5	1,90	80	25	2,00	137	39,5	1,91
24	19	2,00	81	68	1,81	138	33,5	1,87
25	-	-	82	38	1,90	139	28,5	1,82
26	-	-	83	21,5	2,00	140	38	2,0
27	-	-	84	153	1,84	141	40	1,93
28	134	1,84	85	181	1,86	142	30,5	1,91
29	42	1,84	86	47	2,20	143	39,5	1,91
30	50	1,90	87	120	1,86	144	29	2,2
31	33	1,88	88	39	1,85	145	43	1,92
32	24,5	1,88	89	67	1,83	146	23	1,92
33	27,5	1,96	90	132	1,77	147	35	1,83
34	55	1,86	91	102	1,84	148	62	1,86
35	70	1,84	92	35	1,72	149	64,5	1,85

продолжение таблицы

№ образца	С, нг/мкл	A260/A280	№ образца	С, нг/мкл	A260/A280	№ образца	С, нг/мкл	A260/A280
36	42	1,88	93	31,5	1,86	150	31	1,87
37	59	1,87	94	82,5	1,84	151	26	1,83
38	42	1,86	95	38,5	1,86	152	41	1,84
39	28	2,10	96	74	1,88	153	27,5	1,82
40	102	1,84	97	39,5	1,82	154	35	1,82
41	30	1,96	98	57	1,79	155	38,5	1,82
42	77	1,77	99	44	1,81	156	35	1,76
43	64	1,75	100	140	1,82	157	32,5	1,87
44	36	1,90	101	57,5	1,9	158	41,5	1,78
45	69	1,87	102	40	2,0	159	37	1,84
46	34	1,97	103	62,5	1,67	160	34,5	1,85
47	68	1,86	104	40	2,0	161	37,5	1,88
48	97	1,92	105	40	1,82	162	37	1,84
49	17	1,88	106	69	1,88	163	59	1,86
50	34,5	1,91	107	37,5	1,84	164	39	1,81
51	110	1,88	108	38	1,90	165	16,5	1,82
52	43	1,95	109	39	1,91	166	51	1,87
53	69	1,91	110	21,5	2,2	167	39	1,87
54	72	1,90	111	54	1,90	168	37	1,82
55	51	1,92	112	44	1,82	169	80	1,83
56	40	2,00	113	38	1,81			
57	48	1,83	114	26	1,93			

Примечание. С – показатель концентрации полученного образца ДНК (нг/мкл); D260/D280 – показатель чистоты полученного образца ДНК.

Оценка спектрофотометрических показателей концентрации и чистоты 169 препаратов ДНК показала, что 3 образца (1,77%) в ходе проведенной нами работы не были выделены, что могло быть связано с тем, что, несмотря на простоту реализации выбранного нами метода, общая схема проведения экстракции ДНК включала как минимум 10 последовательных манипуляций и требовала неоднократного открытия/закрытия колонок и их промывки, это могло привести к контаминации и потере ДНК. Не исключено, что проблема выделения могла возникнуть в результате повреждения мембраны микроцентрифужной колонки на этапе центрифугирования или её засорения, что впоследствии привело к практическим трудностям выделения ДНК на этапах адсорбции, промывания и элюирования.

Спектрофотометрическое исследование чистоты выделенных нами образцов выявило, что средний показатель соотношения поглощения при A260/A280 составил $1,849 \pm 0,298$, что соответствует заявленному показателю чистоты препарата производителем коммерческого набора реагентов. У 20 (11,83%) полученных образцов отношение показателей поглощения A260/A280 составило более 2,0, что может быть связано с индивидуальными особенностями биологического материала. Остальные выделенные образцы достигли приемлемого уровня соотношения показателя

A260/A280, равного не менее 1,7, что указывает на их пригодность для дальнейшего гено-типирования.

Средняя концентрация раствора ДНК, полученного в результате использования указанного набора, составляет $51,96 \pm 35,99$ нг/мкл, что является достаточным для использования большинства молекулярно-генетических методов на дальнейших этапах исследования.

Заключение

Таким образом, в ходе проведенного нами анализа методом колоночной фильтрации экстракции ДНК с оценкой эффективности применения коммерческого набора реагентов ExtractDNA Blood (ЗАО «Евроген», Россия). Выбранная методика выделения ДНК является безопасной, достаточно простой в использовании и эффективной, что было подтверждено результатами спектрофотометрического анализа показателей средней степени чистоты ($A260/A280 = 1,896$) и средней концентрации (56,87 нг/мкл) выделенной ДНК из образцов размороженной крови. Образцы ДНК являются достаточными и указывают на пригодность для дальнейшего применения в молекулярно-генетическом исследовании.

Работа выполнена в рамках государственного задания на осуществление научных исследований и разработок, выполняемых в ФГБОУ ВО БГМУ Минздрава России.

Сведения об авторах статьи:

Файзуллина Резеда Мансафовна – д.м.н., профессор кафедры факультетской педиатрии с курсами педиатрии, неонатологии и симуляционным центром ИДПО ФГБОУ ВО БГМУ Минздрава России. Адрес: 450008, г. Уфа, ул. Ленина, 3. E-mail: fayzullina@yandex.ru.

Гафурова Рита Ринатовна – аспирант, ассистент кафедры факультетской педиатрии с курсами педиатрии, неонатологии и симуляционным центром ИДПО ФГБОУ ВО БГМУ Минздрава России. Адрес: 450008, г. Уфа, ул. Ленина, 3. E-mail: rita.gafurova2017@yandex.ru.

Маркелов Виталий Андреевич – старший лаборант кафедры биологии ФГБОУ ВО БГМУ Минздрава России. Адрес: 450008, г. Уфа, ул. Ленина, 3.

Викторов Виталий Васильевич – проректор по региональному развитию здравоохранения, д.м.н., профессор, заведующий кафедрой факультетской педиатрии с курсами педиатрии, неонатологии и симуляционным центром ИДПО ФГБОУ ВО БГМУ Минздрава России. Адрес: 450008, г. Уфа, ул. Ленина, 3. Тел. 8(347) 255-21-80. E-mail: surgped@bashgmu.ru.

Данилко Ксения Владимировна – старший научный сотрудник ЦНИЛ, руководитель лаборатории клеточных культур, к.б.н., доцент кафедры биологии ФГБОУ ВО БГМУ Минздрава России. Адрес: 450008, г. Уфа, ул. Ленина, 3. E-mail: kse-danilko@yandex.ru.

ЛИТЕРАТУРА

1. Гусейнова, Н.Т. Механизмы наследственности и роли генов в организме человека / Н.Т. Гусейнова, Р.Ф. Мамедова // Deutsche Internationale Zeitschrift für Zeitgenössische Wissenschaft. – 2021. – № 6–2. – С. 4–7. – DOI 10.24412/2701-8369-2021-6-2-4-7.
2. Основные методологические подходы к выявлению и диагностике моногенных наследственных заболеваний и проблемы в организации медицинской помощи и профилактических программ / Р. А. Зинченко [и др.] // Проблемы социальной гигиены, здравоохранения и истории медицины. – 2019. – Т. 27, № 5. – С. 865–877. – DOI 10.32687/0869-866X-2019-27-5-865-877.
3. Козонова, А. А. Генетическое тестирование: моногенные и мультифакториальные болезни / А. А. Козонова // Студенческий вестник. – 2021. – № 20–6(165). – С. 86–88. – EDN NNNUBB.
4. Николаева, Е. А. Современные возможности лечения наследственных заболеваний у детей / Е. А. Николаева, А. Н. Семьякина // Российский вестник перинатологии и педиатрии. – 2018. – Т. 63, № 4. – С. 210. – EDN XXRDNL.
5. Изучение эпидемиологии мультифакториальной патологии среди населения Центрального Черноземья и оценка роли популяционно-генетических факторов в ее распространении / М. И. Чурносков, И. Н. Сорокина, И. Н. Лепендина [и др.] // Научные ведомости Белгородского государственного университета. Серия: Медицина. Фармация. – 2011. – № 10(105). – С. 239–246.
6. Лубенникова, М. В. Выделение ДНК – важный этап молекулярно-генетического исследования / М. В. Лубенникова, В. А. Афанасьев, К. А. Афанасьев // Электронный научно-методический журнал Омского ГАУ. – 2020. – № 2(21). – С. 1–7.
7. Сбор и хранение ДНК-содержащего биоматериала и выделенной ДНК / Ю. В. Долудин, А. С. Лимонова, В. А. Козлова [и др.] // Кардиоваскулярная терапия и профилактика. – 2020. – Т. 19, № 6. – С. 196–204. – DOI 10.15829/1728-8800-2020-2730.
8. Белик, В. П. Способ выделения ДНК коммерческими наборами, адаптированный для образцов крови глубокой заморозки / В. П. Белик, И. В. Кудашова, Л. Б. Маснавиева // Медицинский алфавит. – 2014. – Т. 1, № 2. – С. 36–38.

REFERENCES

1. Guseynova NT, Mamedova RF. Mechanisms of heredity and the role of genes in the human body // Deutsche Internationale Zeitschrift für Zeitgenössische Wissenschaft. – 2021. – № 6–2. – S. 4–7. – DOI 10.24412/2701-8369-2021-6-2-4-7.
2. Zinchenko R.A. [et al.] Main methodological approaches to the identification and diagnosis of monogenic hereditary diseases and problems in the organization of medical care and unified preventive programs. Problems of social hygiene, health care and the history of medicine. 2019; 27 (5):865–877. – DOI 10.32687/0869-866X-2019-27-5-865-877. (In Russ).
3. Kazanova A. A. Genetic testing: monogenic and multifactorial diseases. Student Bulletin. 2021; № 20-6(165): 86–88. (In Russ).
4. Nikolaeva E. A., Semyachkina A. N. Modern possibilities of treatment of hereditary diseases in children. Russian Bulletin of Perinatology and Pediatrics. 2018; 63(4):210. (In Russ).
5. Churnosov M. I., Sorokina I. N., Lependina I. N. [et al.]. Studying the epidemiology of multifactorial pathology among the population of the Central Chernozem region and assessing the role of population-genetic factors in its spread. Scientific Bulletin of Belgorod State University. Series: Medicine. Pharmacy. 2011; 10(105): 239–246. (In Russ).
6. Lubennikov M. V., Afanasyev V. A., Afanasyev K. A. DNA isolation - an important stage of molecular genetic research. Electronic Scientific and Methodological Journal of Omsk State Agrarian University. 2020; 2(21):1–7.
7. Doludin Yu. V., Limonova A. S., Kozlova V. A. [et al.]. Collection and storage of DNA-containing biomaterial and isolated DNA. Cardiovascular therapy and prevention. 2020; 19 (6): 196–204.
8. Belik V. P., Kudaeva I. V., Masnavieva L.B. Method of DNA isolation by commercial kits adapted for deep-frozen blood samples. Medical Alphabet. 2014; 1 (2):36–38.

УДК 611.711.6:611.731

© Коллектив авторов, 2022

М.А. Иванов¹, И.Н. Яшина¹, С.В. Ключкова^{2,3}, Д.Б. Никитюк^{4,5}, Ф.Д. Яшин¹ СТРУКТУРА КОМПЛЕКСА «ПОЯСНИЧНЫЕ ПОЗВОНКИ- ПАРАВЕРТЕБРАЛЬНЫЕ МЫШЦЫ» У ЖЕНЩИН СТАРШЕ 50 ЛЕТ ПО ДАННЫМ КОМПЬЮТЕРНОЙ ТОМОГРАФИИ

¹ФГБОУ ВО «Курский государственный медицинский университет»

Минздрава России, г. Курск

²ФГАОУ ВО «Российский университет дружбы народов», г. Москва

³Московский научно-практический центр медицинской реабилитации,
восстановительной и спортивной медицины ДЗМ, г. Москва

⁴Федеральный исследовательский центр питания, биотехнологии
и безопасности пищи, г. Москва

⁵ФГАОУ ВО «Первый Московский государственный медицинский университет
имени И.М. Сеченова» Минздрава России (Сеченовский Университет), г. Москва

Цель исследования – выявление закономерностей строения и взаимоотношения элементов поясничного отдела позвоночного столба и окружающих его мышц у женщин старше 50 лет.