

В.Е. ДОСЕНКО¹, Д. МИХАЛЬЧУК¹, В.Ю. ЗАГОРИЙ¹,
А.Н. ПАРХОМЕНКО², А.А. МОЙБЕНКО¹

¹ Институт физиологии им. А.А. Богомольца НАН Украины, Киев

² Институт кардиологии им. Н.Д. Стражеско АМН Украины, Киев

E-mail: dosenko@biph.kiev.ua

ЧАСТОТА АЛЛЕЛЬНОГО ПОЛИМОРФИЗМА ГЕНОВ, КОДИРУЮЩИХ КАТАЛИТИЧЕСКИЕ СУБЪЕДИНИЦЫ ИММУНОПРОТЕАСОМЫ, У БОЛЬНЫХ С ОСТРЫМ КОРОНАРНЫМ СИНДРОМОМ



Представлены результаты определения аллельного полиморфизма генов, кодирующих большие мультифункциональные протеазы LMP2 (*Arg60 → His*) и LMP7 (*Lys145 → Gln*), у 200 больных с острым коронарным синдромом и 80 здоровых индивидуумов. Установлено, что соотношение генотипов *Arg/Arg*, *Arg/His* и *His/His* при анализе полиморфизма гена LMP2 составило 52; 40,5 и 7,5 % соответственно (в контроле — 53,8; 38,7; 7,5%; $P > 0,05$ по χ^2 -критерию). Распределение аллельных вариантов гена LMP7 было следующим: *Lys/Lys* — 89,5%, *Lys/Gln* — 10,5%, *Gln/Gln* — 0% (в контроле — 93,8; 6,2; 0% соответственно; $P > 0,05$). Полученные данные свидетельствуют о том, что полиморфизм генов, кодирующих каталитические субъединицы протеасомы, не влияет на вероятность развития острого коронарного синдрома в украинской популяции.

© В.Е. ДОСЕНКО, Д. МИХАЛЬЧУК, В.Ю. ЗАГОРИЙ,
А.Н. ПАРХОМЕНКО, А.А. МОЙБЕНКО, 2005

Введение. Роль протеасомального протеолиза в патогенезе атеросклероза и сердечно-сосудистых заболеваний, развивающихся на его основе, активно изучается в последние годы [1, 2]. Показано, что протеасомальное расщепление внутриклеточных белков играет существенную роль в регуляции обмена липопротеидов, экспрессии молекул клеточной адгезии, апоптозе гладкомышечных и эндотелиальных клеток, т.е. в процессах, имеющих принципиальное значение в атерогенезе [1, 3—5]. Получены данные о возможности применения ингибиторов протеасомы для предупреждения формирования неонитмы после денудации артерий, рестеноза артериальных сосудов после баллонной дилатации, ишемически-реперфузионных повреждений и инсультов [2, 6, 7].

Среди многих теорий развития атеросклероза одними из наиболее актуальных считаются аутоиммунная и инфекционная концепция патогенеза этого патологического процесса [8, 9]. Иммунный ответ как на собственные антигены, так и на чужеродные предусматривает презентацию антигенов в составе белков главного комплекса гистосовместимости (МНС). Последний процесс практически невозможен без участия так называемой иммунопротеасомы, которая образуется в результате замены трех конституциональных каталитических субъединиц в коровой части протеасомы на три индуцибелльные субъединицы — большие мультифункциональные протеазы (LMP2, LMP7 и LMP10) [6, 10]. В генах, кодирующих LMP2 и LMP7, описан полиморфизм единичных нуклеотидов (SNP) и предпринимаются попытки установить влияние аллельного полиморфизма указанных генов на вероятность развития тех или иных заболеваний [11—16]. В частности установлено, что более редкий аллельный вариант гена LMP2 значительно чаще встречается у больных с некоторыми аутоиммунными заболеваниями [14, 15]. Данных о роли аллельного полиморфизма генов LMP2 и LMP7 в патогенезе сердечно-сосудистых заболеваний на сегодняшний день нет.

Исходя из вышеизложенного, мы предприняли попытку определить частоту аллельного полиморфизма генов, кодирующих субъединицы иммунопротеасомы, у больных с острым коронарным синдромом (ОКС) с целью установления возможной ассоциации между ал-

лельными вариантами LMP2 и LMP7 и вероятностью развития ОКС.

Материалы и методы. В основу настоящей работы положены результаты обследования 200 больных с острым коронарным синдромом (81,7 % мужчин и 18,3 % женщин) в возрасте от 40 до 83 лет (средний возраст $58,5 \pm 0,7$ года), госпитализированных в отделение реанимации и интенсивной терапии Института кардиологии им. Н.Д. Стражеско АМН Украины. Заключительный диагноз нестабильной стенокардии (НС) выставлен 33,5 % больных, острого инфаркта миокарда (ИМ) — 66,5 % больных. Диагноз острого ИМ и НС устанавливали на основании данных клинических, электрокардиографических и биохимических обследований, согласно рекомендациям экспертов ВОЗ, а также в соответствии с рекомендациями Европейского и Американского обществ кардиологов [17–19]. Контрольную группу составили 80 практически здоровых доноров, у которых отсутствие сердечно-сосудистой патологии подтверждалось путем сбора анамнестических данных, снятия электрокардиограммы и измерения артериального давления. Контрольная группа и группа больных не отличались по возрасту и соотношению полов, $P > 0,05$ по χ^2 -критерию.

Для генотипирования венозную кровь забирали в стерильных условиях в моноветты объемом 2,7 мл с калиевой солью этилендиаминетибрауксусной кислоты в качестве антикоагулянта («Sarstedt», Германия), замораживали и сохраняли при температуре при -20°C . ДНК выделяли из цельной крови с использованием наборов «Изоген» (Россия). Методом полимеразной цепной реакции с последующим анализом длины рестрикционных фрагментов определяли Arg60 \rightarrow His полиморфизм гена LMP2 с модификациями [16]. Для этого амплифицировали участок указанного гена с помощью пары специфических праймеров: прямой (sense) — 5'-CTTGAAC CAGGGAGGCGAAGTTG-3' и обратный (antisense) — 5'-CAGCTGAACCAGAGAGTGC ATAGT-3' («Синтол», Россия). Для амплификации брали 50–100 нг ДНК и добавляли к смеси, содержащей 5 мкл пятикратного PCR-буфера, 1,5 мМ сульфата магния, 200 мКМ смеси четырех нуклеотидтрифосфатов, по 20 пМ каждого из праймеров и 0,5 ед. Taq-полимера-

зы («АмплиСенс», Россия), объем доводили до 25 мкл дистиллированной водой. PCR проводили в термоциклире «GeneAmp System 2700» («Applied Biosystems», США). Амплификация фрагмента промотора состояла из 35 циклов: денатурация — 94°C (1 мин), отжиг праймеров — 63°C (30 с) и элонгация — 74°C (1 мин). В дальнейшем 6 мкл продукта амплификации фрагмента гена инкубировали при 37°C в течение 18 ч с 2 ед. рестриктазы Hin6I («Fermentas», Литва) в буфере Y⁺ следующего состава: 33 мМ трис-ацетата (pH 7,9), 10 мМ ацетата магния, 66 мМ ацетата калия, 0,1 мг/мл сывороточного альбумина быка (BSA) или с 2 ед. рестриктазы Alw21I в буфере O⁺ следующего состава: 50 мМ трис-ацетата (pH 7,5), 10 мМ хлорида магния, 100 мМ хлорида натрия, 0,1 мг/мл BSA («Fermentas», Литва). Если в положении гена LMP2 находился гуанидин, то амплификат, состоящий из 228 пар оснований, расщеплялся рестриктазой Hin6I на два фрагмента — 199 и 29 пар оснований. В случае замены гуанидина на аденин сайт рестрикции для Hin6I теряется, а для рестриктазы Alw21I, наоборот, появляется, и образуются два фрагмента указанного размера (рис. 1).

Аллельный полиморфизм гена LMP7 (Lys 145 \rightarrow Gln полиморфизм) определяли также путем амплификации фрагмента и последующей рестрикцией [16]. Последовательность нуклеотидов в специфических праймерах была следующей: прямой (sense) — 5'-CGGACA

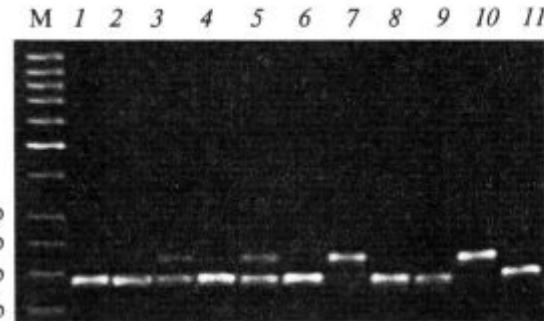


Рис. 1. Результаты электрофореза фрагмента гена LMP2 после рестрикции с использованием фермента Hin6I: M — маркер молекулярной массы (бр — пары нуклеиновых оснований), дорожки 1, 2, 4, 6, 8, 9, 11 соответствуют Arg/Arg-генотипу, 3, 5 — Arg/His-генотипу, 7 и 10 — His/His-генотипу

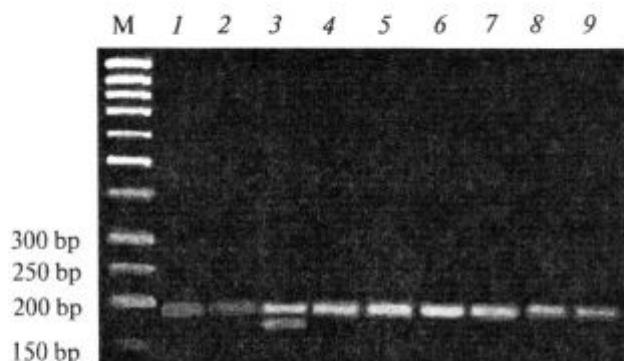


Рис. 2. Результаты электрофореза фрагмента гена LMP7 после рестрикции с использованием фермента Mva1269I: М — маркер молекулярной массы (bp — пары нуклеиновых оснований), дорожки 1, 2, 4—9 соответствуют Lys/Lys-генотипу, 3 — Lys/Gln-генотипу

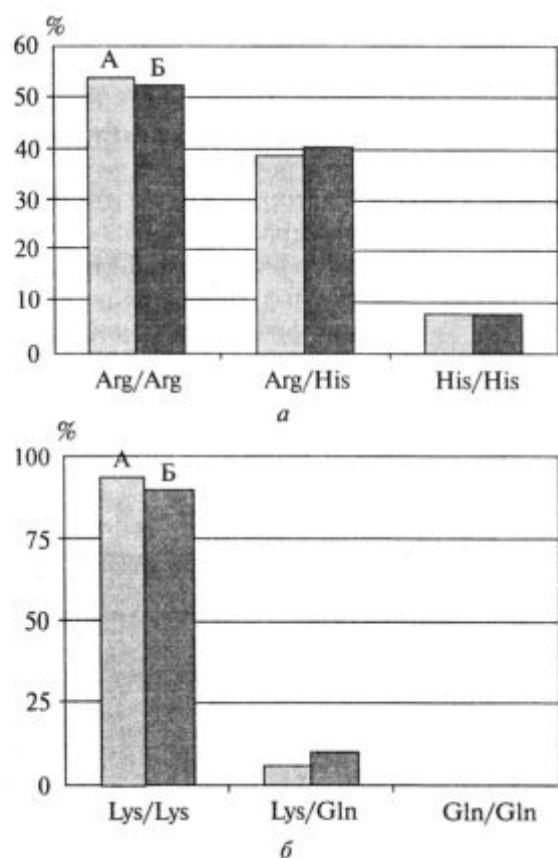


Рис. 3. Частота аллельных вариантов генов LMP2 (а) (Arg60→His полиморфизм) и LMP7 (б) (Lys145→Gln полиморфизм) у практически здоровых индивидуумов (А) и больных с острым коронарным синдромом (Б)

GATCTCTGGGTGCT-3' и обратный (antisense) — 5'-CTTCCCTACTGCCCAAGCT-3'. Для амплификации брали 50—100 нг ДНК и добавляли к смеси, содержащей 5 мкл пятикратного PCR-буфера, 1,5 мМ сульфата магния, 200 мКМ смеси четырех нуклеотидтрифосфатов, по 20 пМ каждого из праймеров и 0,5 ед. Тац-полимеразы («АмплиСенс», Россия), объем доводили до 25 мкл десорбированной водой. Амплификация фрагмента гена LMP7 состояла из 38 циклов: денатурация — 94 °C, 1 мин, отжиг праймеров — 63 °C (35 с) и элонгация — 74 °C (1 мин). Для определения SNP 6 мкл продукта амплификации инкубировали при 37 °C в течение 20 ч с 5 ед. рестриктазы HindIII («СибЭнзим», Россия) в буфере следующего состава: 10 мМ трис-гидрохлорида (рН 8,5), 10 мМ хлорида магния, 100 мМ хлорида натрия, 0,1 мг/мл BSA, 1 мМ дитиотреитола или с 2 ед. рестриктазы Mva1269I в буфере R⁺ («Fermentas», Литва). Более распространенный аллельный вариант гена LMP7 с цитозином (размер амплификата — 193 пары оснований) расщеплялся рестриктазой HindIII на два фрагмента — 179 и 14 пар оснований. В случае замены цитозина на аденин амплификат расщепляется рестриктазой Mva1269I на два фрагмента указанного размера (рис. 2).

Амплификаты фрагментов генов LMP2 и LMP7 после рестрикции разделяли в 2,5%-ном агарозном геле, содержащем бромистый этидий. Визуализацию ДНК после горизонтального электрофореза (160 В на протяжении 40 мин) проводили с помощью трансиллюминатора и программного обеспечения ViTran («Биоком», Россия).

Полученные данные обрабатывали статистически с использованием программы Excel 2000. При этом достоверность отличий определяли по χ^2 -критерию. Значение $P < 0,05$ считали достоверным.

Результаты исследований и их обсуждение. Распределение частоты различных аллельных вариантов генов LMP2 и LMP7 в контрольной группе и у больных с ОКС показано на рис. 3. Соотношение генотипов Arg/Arg, Arg/His и His/His при анализе полиморфизма гена LMP2 составило 52; 40,5 и 7,5 % соответственно (в контроле — 53,8; 38,7; 7,5 %; $P > 0,05$ по χ^2 -критерию). Аллельные варианты гена

LMP7 распределились следующим образом: Lys/Lys — 89,5 %, Lys/Gln — 10,5 %, Gln/Gln — 0 % (в контроле — 93,8; 6,2; 0 % соответственно; $P > 0,05$). Таким образом, среди 280 генотипированных людей не было ни одной гомозиготы (Gln/Gln), что говорит о том, что в украинской популяции этот полиморфизм гена LMP7 встречается крайне редко.

Полученные данные свидетельствуют о том, что распределение частот алельных вариантов генов LMP2 и LMP7 не отличается в контрольной группе и в группе больных с ОКС. Прежде всего результаты исследования позволяют сделать вывод об эволюционной консервативности генов, кодирующих субъединицы иммунопротеасомы. Несмотря на то, что гены LMP2 и LMP7 расположены в чрезвычайно вариабельном участке 6-й хромосомы в комплексе с генами, которые кодируют белки МНС, на сегодняшний день описано только по одному SNP в этих генах. Последний встречается очень редко как в украинской, так и в других популяциях [11, 15, 16]. Идентичность распределения алельных вариантов этих генов у больных с ОКС и у практически здоровых людей косвенно свидетельствует о том, что иммунные механизмы не играют ведущей роли в инициации атеросклеротического поражения коронарных сосудов. По-видимому, алельный полиморфизм других генов, в частности эндотелиальной NO-синтазы, в гораздо большей степени влияет на вероятность развития сердечно-сосудистых заболеваний.

SUMMARY. Large multifunctional protease LMP2 (Arg60→His) and LMP7 (Lys145→Gln) gene allelic polymorphism in 200 patients with acute coronary syndrome and in 80 practically healthy people was determined. It was shown that interrelation of genotypes Arg/Arg, Arg/His and His/His in LMP2 gene polymorphism is 52, 40,5 and 7,5 % correspondingly (in control group 53,8, 38,7, 7,5 %; $P > 0,05$ by χ^2 -test). Analysis of LMP7 gene polymorphism has shown that Lys/Lys — 89,5 %, Lys/Gln — 10,5 %, Gln/Gln — 0 % (in control group 93,8, 6,2, 0 % correspondingly; $P > 0,05$). The data show that LMP2 and LMP7 gene polymorphism is not a risk factor of acute coronary syndrome in Ukrainian population.

РЕЗЮМЕ. Наведено результати визначення алельного поліморфізму генів, що кодують великі мультифункціональні протеази LMP2 (Arg60→His) та LMP7 (Lys145→Gln), у 200 хворих на гострий коронарний

синдром і 80 здорових індивідуумів. Встановлено, що співвідношення генотипів Arg/Arg, Arg/His і His/His при аналізі поліморфізму гена LMP2 становить 52; 40,5 та 7,5 % відповідно (в контролі — 53,8; 38,7; 7,5 %; $P > 0,05$ за χ^2 -критерієм). Розподіл алельних варіантів гена LMP7 був наступним: Lys/Lys — 89,5 %, Lys/Gln — 10,5 %, Gln/Gln — 0 % (в контролі — 93,8; 6,2; 0 % відповідно; $P > 0,05$). Отримані дані свідчать про те, що поліморфізм генів, що кодують каталітичні субодиниці протеасоми, не впливає на ймовірність розвитку гострого коронарного синдрому в українській популяції.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Herrmann J., Ciechanover A., Lerman L.O., Lerman A. The ubiquitin-proteasome system in cardiovascular diseases — a hypothesis extended // *Cardiovasc. Res.* — 2004. — **61**. — P. 11—21.
2. Wojcik C., di Napoli M. Ubiquitin-proteasome system and proteasome inhibition: new strategy in stroke therapy // *Stroke*. — 2004. — **35**. — P. 1506—1518.
3. Dupre D.J., Chen Z., Le Gouill C. et al. Trafficking, ubiquitination, and down-regulation of the human platelet-activating factor receptor // *J. Biol. Chem.* — 2003. — **278**. — P. 48228—48235.
4. Hermann J., Gulati R., Napoli C. et al. Oxidative stress-related increase in ubiquitination in early coronary atherogenesis // *FASEB J.* — 2003. — **17**. — P. 1730—1732.
5. Kikuchi J., Furukawa Y., Kubo N. et al. Induction of ubiquitin-conjugating enzyme by aggregated low density lipoprotein in human macrophages and its implications for atherosclerosis // *Arterioscler. Thromb. Vasc. Biol.* — 2000. — **20**. — P. 128—134.
6. Гольдберг А., Еледж С., Гарнер Дж.В. Механізми клітинної смерті // Світ науки. — 2001. — № 2. — С. 32—37.
7. Meiners S., Laule M., Rother W. et al. Ubiquitin-proteasome pathway as a new target for the prevention of restenosis // *Circulation*. — 2002. — **105**. — P. 483—489.
8. Нагорнєв В.А. Современные аспекты патогенеза атеросклероза // Апр. патологии. — 1991. — **53**. — С. 13—22.
9. Fabricant C.G., Fabricant J., Litrenta M.M., Minick C.R. Virus-induced atherosclerosis // *J. Exp. Med.* — 1978. — **148**. — P. 335—340.
10. Ehring B., Meyer T.H., Eckerskorn C. et al. Effects of major-histocompatibility-complex-encoded subunits on the peptidase and proteolytic activities of human 20S proteasomes. Cleavage of proteins and antigenic peptides // *Eur. J. Biochem.* — 1996. — **235**. — P. 404—415.
11. Deng G.Y., Muir A., Maclare N.K., She J.X. Association of LMP2 and LMP7 genes within the major histo-

- compatibility complex with insulin-dependent diabetes mellitus: population and family studies // Amer. J. Hum. Genet. — 1995. — 56. — P. 528—534.
12. Dosenko V.E., Mikhalyuk D.V., Moibenko A.A. Association between allelic variant of immunoproteasome subunits (LMP2, LMP7) and acute coronary syndrome // The ubiquitin proteasome system in health and disease: Abstracts of Joint 59th Harden EMBO Conf. — Cirencester, 2004. — P. 15.
13. Kuzushita N., Sugimoto Y., Sasaki Y., Hayashi N. Involvement of TAP2 and LMP7 gene polymorphisms in HCV infection // Nippon Rinsho. — 2001. — 59. — P. 1248—1253.
14. Maksymowych W.P., Russell A.S. Polymorphism in the LMP2 gene influences the relative risk for acute anterior or uveitis in unselected patients with ankylosing spondylitis // Clin. Invest. Med. — 1995. — 18. — P. 42—46.
15. Pryhuber K.G., Murray K.J., Donnelly P. et al. Polymorphism in the LMP2 gene influences disease susceptibility and severity in HLA-B27 associated juvenile rheumatoid arthritis // J. Rheumatol. — 1996. — 23. — P. 747—752.
16. Vinasco J., Fraile A., Nieto A. et al. Analysis of LMP and TAP polymorphisms by polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism in rheumatoid arthritis // Ann. Rheum. Dis. — 1998. — 57. — P. 33—37.
17. Bertrand M.E., Simoons M.L., Fox K.A.A. et al. Management of acute coronary syndromes in patients presenting without persistent ST-segment elevation. The task force on the management of acute coronary syndromes of the European society of cardiology // Eur. Heart J. — 2002. — 23. — P. 1809—1840.
18. Braunwald E., Antman E.M., Brooks N.H. et al. ACC/AHA guidelines for the management of patients with unstable angina and non ST-elevation myocardial infarction: executive summary and recommendations. A report of the american college of cardiology / American Heart Association task force on practice guidelines for (committee on management of patients with unstable angina) // Circulation. — 2000. — 102. — P. 1193—1209.
19. World Health Organization. Nomenclature and criteria for diagnosis of ischemic heart disease // Circulation. — 1979. — 59. — P. 607—609.

Поступила 27.04.05