



(51) МПК
G01N 33/58 (2006.01)
C12Q 1/6806 (2018.01)
C12Q 1/6827 (2018.01)
C12Q 1/686 (2018.01)
C12Q 1/6876 (2018.01)
C12Q 1/6883 (2018.01)

(12) ОПИСАНИЕ ИЗОБРЕТЕНИЯ К ПАТЕНТУ

(52) СПК

G01N 33/582 (2025.08); *C12Q 1/6806* (2025.08); *C12Q 1/6827* (2025.08); *C12Q 1/686* (2025.08); *C12Q 1/6876* (2025.08); *C12Q 1/6883* (2025.08); *G01N 2800/364* (2025.08); *G01N 2800/50* (2025.08)

(21)(22) Заявка: 2025114060, 26.05.2025

(24) Дата начала отсчета срока действия патента:
26.05.2025Дата регистрации:
24.11.2025

Приоритет(ы):

(22) Дата подачи заявки: 26.05.2025

(45) Опубликовано: 24.11.2025 Бюл. № 33

Адрес для переписки:

308015, г. Белгород, ул. Победы, 85, НИУ
"БелГУ", Крылова Анна Сергеевна

(72) Автор(ы):

Пономарева Татьяна Андреевна (RU),
Алтухова Оксана Борисовна (RU),
Пономаренко Ирина Васильевна (RU),
Чурносов Михаил Иванович (RU)

(73) Патентообладатель(и):

Федеральное государственное автономное
образовательное учреждение высшего
образования "Белгородский государственный
национальный исследовательский
университет" (НИУ "БелГУ") (RU)(56) Список документов, цитированных в отчете
о поиске: RU 2650994 C1, 18.04.2018. US
20210292841 A1, 23.09.2021. ПОНОМАРЕВА
Т.А. Генетические варианты глобулина,
связывающего половые гормоны, и
гормональный профиль больных генитальным
эндометриозом. Научные результаты
биомедицинских исследований. 2025; 11 (1): 75-
90. Принята к печати 10 октября 2024 г. GUO
S.W. et al. Genomic alterations in the (см.
прод.)

(54) Способ прогнозирования повышенного риска развития генитального эндометриоза у женщин с использованием генетических данных

(57) Реферат:

Изобретение относится к медицине, а именно к гинекологии и медицинской генетике, и может быть использовано для прогнозирования повышенного риска развития генитального эндометриоза у женщин. Из периферической венозной крови выделяют ДНК. Проводят анализ комбинации полиморфизмов генов NR2F2, JMJD1C, ZBTB10, ВАIAP2L1 и GCKR. При выявлении комбинации полиморфизмов rs8023580 TC гена NR2F2 x rs7910927 GT гена JMJD1C x rs440837 AG гена ZBTB10 x rs3779195 TA гена

ВАIAP2L1 x rs780093 CT гена GCKR прогнозируют высокий риск развития генитального эндометриоза у женщин. Способ обеспечивает получение новых критериев оценки риска развития генитального эндометриоза у женщин русской национальности, являющихся уроженками Центрального Черноземья РФ и не имеющих родства между собой, на основе данных о комбинации полиморфизмов генов NR2F2, JMJD1C, ZBTB10, ВАIAP2L1 и GCKR. 5 ил., 3 пр.

(56) (продолжение):

endometrium may be a proximate cause for endometriosis. Eur J Obstet Gynecol Reprod Biol. 2004 Sep 10; 116 (1): 89-99.

R U 2 8 5 1 4 1 9 C 1

R U 2 8 5 1 4 1 9 C 1



FEDERAL SERVICE
FOR INTELLECTUAL PROPERTY

(51) Int. Cl.
G01N 33/58 (2006.01)
C12Q 1/6806 (2018.01)
C12Q 1/6827 (2018.01)
C12Q 1/686 (2018.01)
C12Q 1/6876 (2018.01)
C12Q 1/6883 (2018.01)

(12) **ABSTRACT OF INVENTION**

(52) CPC

G01N 33/582 (2025.08); *C12Q 1/6806* (2025.08); *C12Q 1/6827* (2025.08); *C12Q 1/686* (2025.08); *C12Q 1/6876* (2025.08); *C12Q 1/6883* (2025.08); *G01N 2800/364* (2025.08); *G01N 2800/50* (2025.08)

(21)(22) Application: **2025114060, 26.05.2025**

(24) Effective date for property rights:
26.05.2025

Registration date:
24.11.2025

Priority:

(22) Date of filing: **26.05.2025**

(45) Date of publication: **24.11.2025** Bull. № 33

Mail address:

**308015, g. Belgorod, ul. Pobedy, 85, NIU "BelGU",
Krylova Anna Sergeevna**

(72) Inventor(s):

**Ponomareva Tatiana Andreevna (RU),
Altukhova Oksana Borisovna (RU),
Ponomarenko Irina Vasilevna (RU),
Churnosov Mikhail Ivanovich (RU)**

(73) Proprietor(s):

**federalnoe gosudarstvennoe avtonomnoe
obrazovatelnoe uchrezhdenie vysshego
obrazovaniia "Belgorodskii gosudarstvennyi
natsionalnyi issledovatel'skii universitet" (NIU
"BelGU") (RU)**

(54) **METHOD FOR PREDICTING INCREASED RISK OF DEVELOPING GENITAL ENDOMETRIOSIS IN WOMEN USING GENETIC DATA**

(57) Abstract:

FIELD: medicine; gynaecology; medical genetics.

SUBSTANCE: invention can be used to predict an increased risk of developing genital endometriosis in women. DNA is isolated from peripheral venous blood. An analysis of the combination of polymorphisms of the NR2F2, JMJD1C, ZBTB10, BAIAP2L1 and GCKR genes is performed. When a combination of polymorphisms rs8023580 TC of the NR2F2 gene x rs7910927 GT of the JMJD1C gene x rs440837 AG of the ZBTB10 gene x rs3779195 TA of the BAIAP2L1 gene x rs780093 CT of the GCKR gene is detected, a

high risk of developing genital endometriosis in women is predicted.

EFFECT: obtaining new criteria for assessing the risk of developing genital endometriosis in women of Russian nationality who are natives of the Central Black Earth Region of the Russian Federation and are not related to each other, based on data on the combination of polymorphisms of the NR2F2, JMJD1C, ZBTB10, BAIAP2L1 and GCKR genes.

1 cl, 5 dwg, 3 ex

RU 2 851 419 C1

RU 2 851 419 C1

Изобретение относится к области медицины, а именно к диагностике и гинекологии, медицинской генетике и может быть использовано для прогнозирования риска развития генитального эндометриоза у женщин.

Эндометриоз относится к хроническим гинекологическим заболеваниям, поражающим 5-10% женщин репродуктивного возраста и 35-50% бесплодных женщин в целом [Bulun S.E.; Yilmaz B.D.; Sison C.; Miyazaki K.; Bernardi L.; Liu S.; Kohlmeier A.; Yin P.; Milad M.; Wei J. Endometriosis // *Endocr. Rev.* 2019. V. 40. P. 1048-1079]. Эндометриоз - процесс, при котором за пределами полости матки происходит доброкачественное разрастание ткани, по морфологическим и функциональным свойствам подобной эндометрию [Soliman A.M.; Yang H.; Du E.X.; Kelley C.; Winkel C. The direct and indirect costs associated with endometriosis: a systematic literature review // *Human Reproduction.* 2016. V. 31. №4. P. 712-722.]. Эндометриоз является генетически детерминированным заболеванием, вклад генетических факторов в формирование эндометриоза не вызывает сомнений и составляет, по данным различных авторов, от 47 до 51% [Chiorean D.M.; Mitranovici M.I.; Toru H.S.; Cotoi T.C.; Tomuț A.N.; Turdean S.G.; Cotoi O.S. New Insights into Genetics of Endometriosis-A Comprehensive Literature Review // *Diagnostics (Basel).* 2023. V. 4. № 13. P. 2265.]. Согласно каталогу полногеномных ассоциативных исследований (GWAS) (<https://www.ebi.ac.uk/gwas/>) проведено 23 GWAS, посвященных эндометриозу, выявлено более 190 локусов, ассоциированных с развитием данного заболевания. Однако, связь с болезнью лишь небольшой части полиморфизмов (около 5%) была подтверждена в нескольких GWAS. Результаты проведенных ассоциативных исследований нередко противоречивы, полученные данные часто не согласуются между собой.

Доказано, что эндометриоз относится к гормон-зависимым заболеваниям, важную роль в патогенезе которого играют половые гормоны. Считается, что высокие уровни эстрогенов, прогестерона, низкий уровень тестостерона связаны с повышением риска развития эндометриоза [Dinsdale N.; Nepomnaschy P.; Crespi B. The evolutionary biology of endometriosis // *Evol. Med. Public Health.* 2021. V. 9. P. 74-191.]. Важное значение в регуляции уровня и эффекта эстрогенов и тестостерона имеет глобулин, связывающий половые гормоны (ГСПГ) [Narinx N.; David K.; Walravens J.; Vermeersch P.; Claessens F.; Fiers T.; Lapauw B.; Antonio L.; Vanderschueren D. Role of sex hormone-binding globulin in the free hormone hypothesis and the relevance of free testosterone in androgen physiology // *Cell Mol Life Sci.* 2022. V. 79. № 11. P. 543.]. ГСПГ является ключевым белком, который соединяясь с тестостероном, дигидротестостероном и эстрадиолом в плазме, регулирует уровень биологически активных половых гормонов [Qu X.; Donnelly R. Sex Hormone-Binding Globulin (SHBG) as an Early Biomarker and Therapeutic Target in Polycystic Ovary Syndrome // *Int J Mol Sci.* 2020. V. 21. № 21. P. 8191.]. Имеются GWAS работы, в которых показана связь генетических детерминант с уровнем ГСПГ [Coviello A.D.; Haring R.; Wellons M.; et al. A genome-wide association meta-analysis of circulating sex hormone-binding globulin reveals multiple Loci implicated in sex steroid hormone regulation // *PLoS Genetics.* 2012. V. 8. №7. P. e1002805].

Изучению молекулярно-генетических основ эндометриоза на основе анализа ассоциаций однонуклеотидного полиморфизма отдельных генов-кандидатов (или групп генов-кандидатов) с развитием заболевания посвящено значительное количество работ как зарубежных, так и отечественных ученых. При этом следует отметить, что полученные данные неоднозначны, нередко противоречивы и имеют низкую воспроизводимость. Это определяет необходимость продолжения исследований молекулярно-генетических основ генитального эндометриоза с использованием новых

подходов, активно развивающихся в настоящее время системной генетики и сетевой медицины.

В Российской Федерации отсутствуют исследования вовлеченности данных о полиморфизме генов NR2F2, JMJD1C, ZBTB10, BAIAP2L1 и GCKR в формирование предрасположенности к генитальному эндометриозу у женщин, данные о роли комбинации полиморфизмов генов NR2F2, JMJD1C, ZBTB10, BAIAP2L1 и GCKR в развитие генитального эндометриоза.

Для оценки сложившейся патентной ситуации был выполнен поиск по охраняемым документам за период с 1990 по 2025 гг. Анализ документов производился по направлению: способ прогнозирования риска развития генитального эндометриоза у женщин в зависимости от данных о полиморфизме генов NR2F2, JMJD1C, ZBTB10, BAIAP2L1 и GCKR. Источник информации: сайт Федерального института промышленной собственности <http://fips.ru>.

В изученной научно-медицинской и доступной патентной литературе авторами не было обнаружено способа прогнозирования риска развития генитального эндометриоза у женщин на основе данных о комбинации полиморфизмов генов NR2F2, JMJD1C, ZBTB10, BAIAP2L1 и GCKR.

Известен патент (RU 2 676 693 C1, 10.01.2019), в котором описан способ ранней генетической диагностики риска развития генитального эндометриоза. Способ прогнозирования риска развития генитального эндометриоза для индивидуумов славянской популяции Северо-Западного федерального округа включает экстракцию ДНК из крови с последующим проведением мультиплексной полимеразной цепной реакции в режиме реального времени, отличающийся тем, что проводят анализ полиморфных вариантов гена VEGFA: VEGFA_Forw SEQ ID N1, VEGFA_Rev SEQ ID N2, VEGFA_Wt SEQ ID N3, VEGFA_M SEQ ID N4, и прогнозируют повышенный риск развития генитального эндометриоза в случае выявления аллеля С и генотипа СС полиморфизма rs833061 460 C/T SEQ ID N5 гена VEGFA. Недостатком данного метода является низкая специфичность, так как в качестве предиктора развития генитального эндометриоза исследуется полиморфизм одного гена-регулятора ангиогенеза, носительство которого отмечается и при других пролиферативных заболеваниях.

Известен патент (RU 2 675 698 C1, 24.12.2018), в котором описан способ прогнозирования риска наружного генитального эндометриоза путём экстракции ДНК из периферической венозной крови с последующим исследованием полиморфных вариантов генов цитокинов: С-511Т гена IL1B, С-590Т гена IL4, G-174С гена IL6, С-592А гена IL10, С-509Т гена TGFB, с помощью аллель-специфической амплификации специфических участков генома; полиморфизма генов факторов ангиогенеза: -604Т/С гена KDR, 735G/А гена Ang-2 и ферментов метаболизма эстрогенов: А-4889G гена CYP1A1, С-734А гена CYP1A2 с помощью полимеразной цепной реакции с последующим анализом полиморфизма длины рестрикционных фрагментов (ПНР ПДРФ-анализа); и рассчитывают значения вероятности наличия наружного генитального эндометриоза. Авторами выявлена ассоциация следующих генотипов - С-511Т гена IL1B, С-590Т гена IL4, G-174С гена IL6, С-592А гена IL10, С-509Т гена TGFB; -604Т/С гена KDR, 735G/А гена Ang-2; А-4889G гена CYP1A1, С-734А гена CYP1A2 с развитием эндометриоза, на основе анализа которой создана математическая модель прогнозирования риска развития данного заболевания.

В патенте (RU 2 161 311 C1, 27.12.2000) описывается способ прогнозирования развития эндометриоза, приводящего к нарушению репродуктивной функции у девочек, страдающих альгоменореей, отличающийся тем, что на основе информативных

показателей иммунной системы, а именно уровня IgM, циркулирующих иммунных комплексов, Т-лимфоцитов (- CD3 клетки), определяют диагностический индекс F (по формуле $F = -K10,00793 + K20,013 - K30,043 + 3,09$, где K1 - показатель IgM, K2 - показатель ЦИК, K3 - показатель Т-клеток (-CD3)), по значению которого прогнозируют возможное развитие эндометриоза. Недостатком данного метода является отсутствие возможности прогнозирования развития бессимптомных форм генитального эндометриоза.

Известен патент (RU 2018 138 457 C1, 30.04.2020), в котором описан способ прогноза риска развития наружного генитального эндометриоза. Метод предполагает расчет вероятности риска развития наружного генитального эндометриоза по формуле, которая включает оценку наличия альгодисменореи, возраста женщины, количества беременностей и возраст начала половой жизни. При вероятности, рассчитанной по формуле, больше 0,63, пациентка попадает в группу риска по развитию наружного генитального эндометриоза. Недостатком метода является отсутствие учета объективных данных, а именно молекулярно-генетических предикторов развития заболевания.

Задачей настоящего изобретения является расширение арсенала способов диагностики, а именно создание способа прогнозирования риска развития генитального эндометриоза у женщин на основе данных о комбинации полиморфизмов генов NR2F2, JMJD1C, ZBTB10, BAIAP2L1 и GSKR.

Технический результат использования изобретения - получение критериев оценки риска развития генитального эндометриоза у женщин русской национальности, являющихся уроженками Центрального Черноземья РФ и не имеющих родства между собой, на основе данных о комбинации полиморфизмов генов NR2F2, JMJD1C, ZBTB10, BAIAP2L1 и GSKR, включающий:

- забор периферической венозной крови;
- выделение ДНК из периферической венозной крови;
- анализ полиморфных локусов rs8023580 гена NR2F2, rs7910927 гена JMJD1C, rs440837 гена ZBTB10, rs3779195 гена BAIAP2L1, rs780093 гена GSKR;

- прогнозирование высокого риска развития генитального эндометриоза у женщин при выявлении комбинации полиморфных локусов rs8023580 TC гена NR2F2 x rs7910927 GT гена JMJD1C x rs440837 AG гена ZBTB10 x rs3779195 TA гена BAIAP2L1 x rs780093 CT гена GSKR.

Новизна и изобретательский уровень заключаются в том, что из уровня техники не известна возможность прогнозирования развития генитального эндометриоза у женщин на основе данных о комбинации полиморфных локусов rs8023580 TC гена NR2F2 x rs7910927 GT гена JMJD1C x rs440837 AG гена ZBTB10 x rs3779195 TA гена BAIAP2L1 x rs780093 CT гена GSKR.

Способ осуществляют следующим образом:

Выделение геномной ДНК из периферической крови осуществляют методом фенольно-хлороформной экстракции [Miller S. A.; Dykes D.D.; Polesky H.F. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells // Nucleic. Acids. Res. 1988. V. 16. № 3. P. 1215] в два этапа. На первом этапе к 4 мл крови с ЭДТА добавляют 25 мл лизирующего буфера, содержащего 320мМ сахарозы, 1% тритон X-100, 5мМ MgCl₂, 10мМ трис-HCl (pH=7,6). Полученную смесь перемешивают и центрифугируют при 4°C, 4000 об./мин. в течение 20 минут. После центрифугирования надосадочную жидкость сливают, к осадку добавляют 4 мл раствора, содержащего 25 мМ ЭДТА (pH=8,0) и 75 мМ NaCl, ресуспензируют. Затем прибавляют 0,4 мл 10% SDS, 35 мкл протеиназы К (10мг/мл) и инкубируют образец при 37°C в течение 16 часов.

На втором этапе из полученного лизата последовательно проводят экстракцию ДНК равными объемами фенола, фенол-хлороформа (1:1) и хлороформа с центрифугированием при 4000 об./мин. в течение 10 минут. После каждого центрифугирования производят отбор водной фазы. ДНК осаждают из раствора двумя объемами охлажденного 96% этанола. После лиофилизации полученную ДНК растворяют в бидистиллированной, деионизованной воде и хранят при -20°C.

Анализ полиморфных локусов rs8023580 гена NR2F2, rs7910927 гена JMJD1C, rs440837 гена ZBTB10, rs3779195 гена BAIAP2L1, rs780093 гена GCKR осуществлялся методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) на термоциклере CFX-96 Real-Time System (Bio-Rad) с использованием стандартных олигонуклеотидных праймеров и зондов.

Генотипирование исследуемых образцов осуществлялось с использованием программного обеспечения «CFX-Manager™» методом дискриминации аллелей по величинам относительных единиц флуоресценции (ОЕФ) (фиг. 1, фиг. 2, фиг. 3, фиг. 4, фиг. 5).

Метод MDR в его модификации MB-MDR [Calle M.L.; Urrea V.; Malats N.; Van Steen K. Mbmdr: an R package for exploring gene-gene interactions associated with binary or quantitative traits // Bioinformatics. 2010. V. 26. № 17. P. 2198-2199] применялся для изучения интерлокусных взаимодействий, ассоциированных с генитальным эндометриозом. Рассматривались двух-, трех-, четырех-, пятилокусные модели. Расчеты проводили с ковариатами в программе MB-MDR (версия 2.6) в программной среде R. Наиболее значимые модели интерлокусных взаимодействий, связанных с генитальным эндометриозом, отбирались на основе поправки Бонферрони (при этом рассматривалось число возможных комбинаций изучаемых SNPs генов NR2F2, JMJD1C, ZBTB10, BAIAP2L1 и GCKR при 2-, 3-, 4-, 5-локусных моделях). В дальнейший анализ (валидация моделей с помощью пермутационного теста) включались модели межлокусных взаимодействий, соответствующие следующим критериям: 2-х локусные модели - $p < 1,78 \cdot 10^{-3}$ ($< 0,05/28$), 3-х локусные модели - $p < 8,92 \cdot 10^{-4}$ ($< 0,05/56$), 4-х локусные модели - $p < 7,14 \cdot 10^{-4}$ ($< 0,05/70$), 5-ти локусные модели - $p < 8,92 \cdot 10^{-4}$ ($< 0,05/56$). Для отобранных в соответствии с вышеуказанными критериями наиболее значимых моделей SNP×SNP взаимодействий, ассоциированных с генитальным эндометриозом у женщин, выполнялся пермутационный тест (проводилось 1000 пермутаций). Статистически значимым считали $p_{\text{perm}} \leq 0,001$.

Отдельные комбинации полиморфизмов, связанные с риском развития генитального эндометриоза определялись методом MB-MDR при $p < 0,05$.

Возможность использования предложенного способа для оценки прогнозирования риска развития генитального эндометриоза у женщин подтверждает анализ результатов наблюдений 1368 пациентов, из которых 395 больные генитальным эндометриозом (средний возраст - 39,75 лет, варьировал от 18 до 63 лет, SD=9,01) и 973 женщины контрольной группы (генитальный эндометриоз отсутствовал). Средний возраст контрольной группы составил 31,19 лет (варьировал от 18 до 87 лет, SD=14,17) и был сопоставим с возрастными характеристиками исследуемых групп больных. Изучаемые группы включали индивидуумов русской национальности, являющихся уроженками Центрального Черноземья РФ и не имеющих родства между собой. Всем больным и женщинам контрольной группы проводилось комплексное клиническое, инструментальное и лабораторное обследование, включающее общеклинические (сбор жалоб, клинический анализ крови и мочи, биохимическое исследование крови и др.) и специальные методы исследования (гинекологическое обследование, забор мазков на онкоцитологическое исследование с области стыка многослойного плоского эпителия

влагалищной части шейки матки и цилиндрического эпителия цервикального канала и исследование флоры цервикального канала и влагалищного содержимого, ультразвуковое сканирование органов малого таза и др). Все исследования проводились под контролем этического комитета медицинского факультета Белгородского государственного университета с информированного согласия пациенток на использование материалов лечебно-диагностических мероприятий, связанных с заболеванием, для научно-исследовательских целей и протоколировались по стандартам этического комитета Российской Федерации.

При изучении SNP x SNP взаимодействий установлена генетическая модель, включающая наличие значимой пятилокусной модели, вовлеченную в формирование генитального эндометриоза у женщин, является полиморфизм rs8023580 гена NR2F2 - rs7910927 гена JMJD1C - rs440837 гена ZBTB10 - rs3779195 гена BAIAP2L1 - rs780093 гена GSKR ($p_{perm} \leq 0,001$). С развитием заболевания наиболее значимая ассоциация выявлена для комбинации полиморфизмов rs8023580 TC гена NR2F2 x rs7910927 GT гена JMJD1C x rs440837 AG гена ZBTB10 x rs3779195 TA гена BAIAP2L1 x rs780093 CT гена GSKR ($\beta = 1,69$ $p = 0,006$), имеющей рисковую направленность.

В качестве примеров конкретного применения разработанного способа проведено генетическое обследование женщин русской национальности, являющихся уроженками Центрального Черноземья РФ и не имеющих родства между собой: проведено генетическое исследование по полиморфизмам rs8023580 гена NR2F2, rs7910927 гена JMJD1C, rs440837 гена ZBTB10, rs3779195 гена BAIAP2L1 и rs780093 гена GSKR.

У пациентки Т. была взята венозная кровь, проведено генотипирование ДНК-маркеров, при анализе вовлеченности полиморфизмов rs8023580 гена NR2F2, rs7910927 гена JMJD1C, rs440837 гена ZBTB10, rs3779195 гена BAIAP2L1 и rs780093 гена GSKR, была выявлена комбинация полиморфизмов rs8023580 TC гена NR2F2 x rs7910927 GT гена JMJD1C x rs440837 AG гена ZBTB10 x rs3779195 TA гена BAIAP2L1 x rs780093 CT гена GSKR, что позволило отнести пациента в группу больных с повышенным риском развития генитального эндометриоза. Дальнейшее наблюдение подтвердило диагноз эндометриоз у пациентки.

У пациентки О. была взята венозная кровь, проведено генотипирование ДНК-маркеров, при анализе вовлеченности полиморфизмов rs8023580 гена NR2F2, rs7910927 гена JMJD1C, rs440837 гена ZBTB10, rs3779195 гена BAIAP2L1 и rs780093 гена GSKR, была выявлена комбинация полиморфизмов rs8023580 CC гена NR2F2 x rs7910927 TT гена JMJD1C x rs440837 AG гена ZBTB10 x rs3779195 TT гена BAIAP2L1 x rs780093 CT гена GSKR, что позволило отнести пациентку в группу пациентов с низким риском развития генитального эндометриоза. Дальнейшее наблюдение не подтвердило диагноз у пациентки.

У пациентки Л. была взята венозная кровь, проведено генотипирование ДНК-маркеров, при анализе вовлеченности полиморфизмов rs8023580 гена NR2F2, rs7910927 гена JMJD1C, rs440837 гена ZBTB10, rs3779195 гена BAIAP2L1 и rs780093 гена GSKR была выявлена комбинация полиморфизмов rs8023580 CC гена NR2F2 x rs7910927 GT гена JMJD1C x rs440837 AA гена ZBTB10 x rs3779195 TT гена BAIAP2L1 x rs780093 CT гена GSKR, что позволило отнести пациентку в группу больных с низким риском развития генитального эндометриоза. Дальнейшее наблюдение не подтвердило диагноз эндометриоз у пациентки.

Применение данного способа позволит на доклиническом этапе формировать среди женщин группы риска и своевременно реализовывать в этих группах необходимые лечебно-профилактические мероприятия по предупреждению развития генитального

эндометриоза у женщин.

(57) Формула изобретения

Способ прогнозирования повышенного риска развития генитального эндометриоза
у женщин, включающий выделение ДНК из периферической венозной крови, анализ
5 комбинации полиморфизмов генов NR2F2, JMJD1C, ZBTB10, BAIAP2L1 и GSKR,
прогнозирование высокого риска развития генитального эндометриоза у женщин при
выявлении комбинации полиморфизмов rs8023580 TC гена NR2F2 x rs7910927 GT гена
JMJD1C x rs440837 AG гена ZBTB10 x rs3779195 TA гена BAIAP2L1 x rs780093 CT гена
10 GSKR.

15

20

25

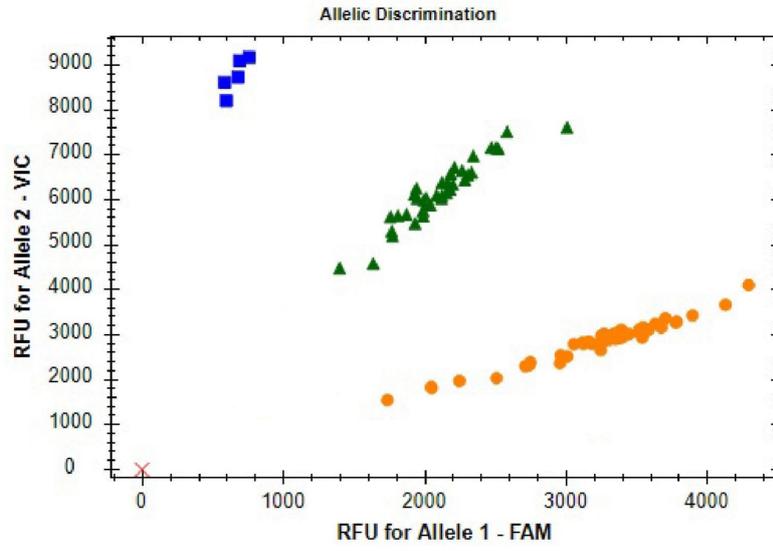
30

35

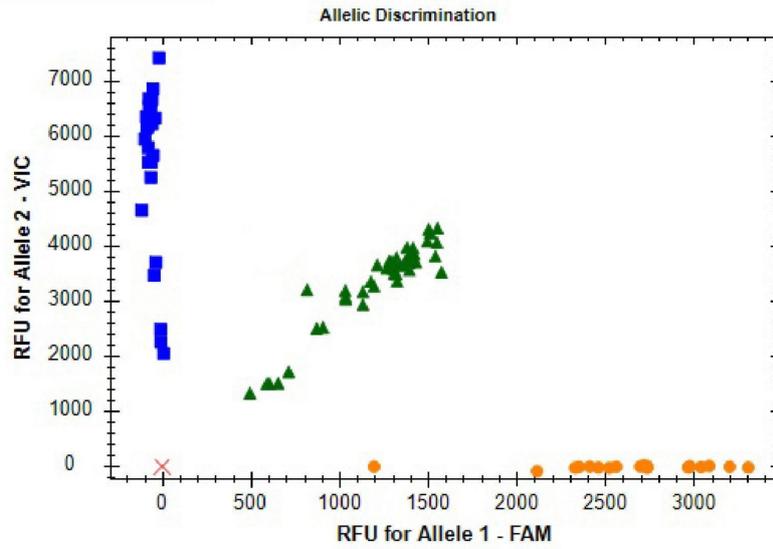
40

45

1

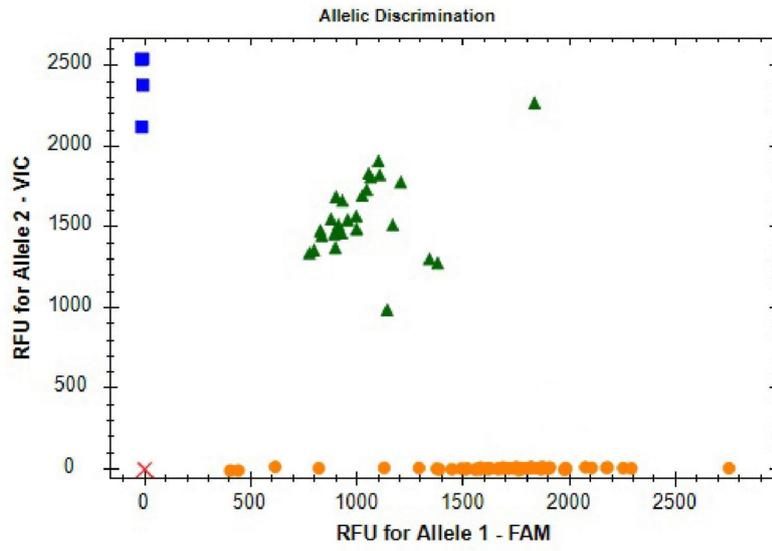


ФИГ. 1

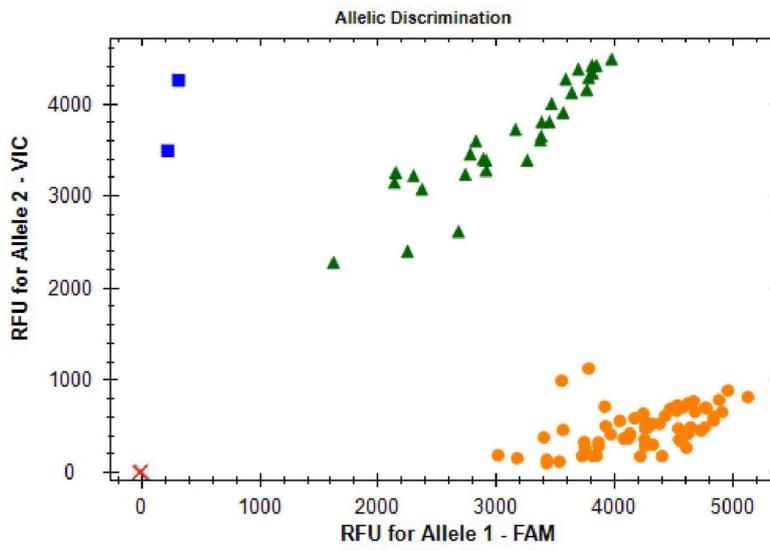


ФИГ. 2

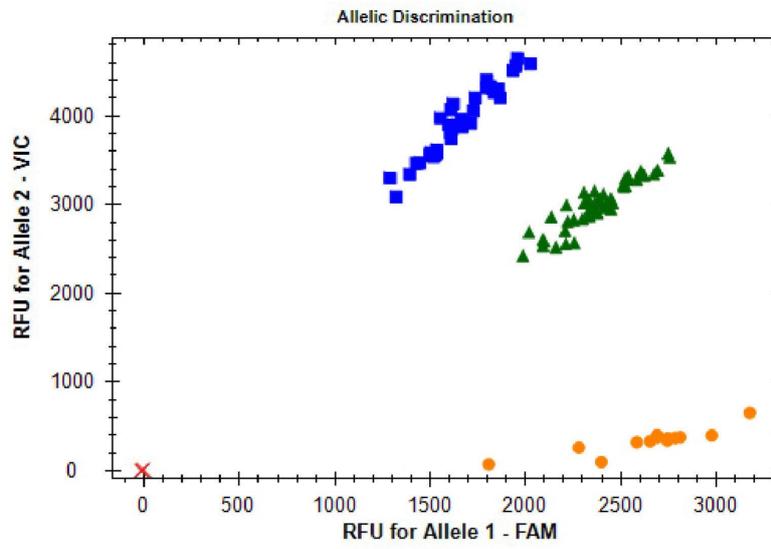
2



ФИГ. 3



ФИГ. 4



ФИГ. 5