

УДК 577.21

**МА МИН**

аспирант кафедры физиологии и биохимии<sup>1</sup>

E-mail: [961712250@qq.com](mailto:961712250@qq.com)



**Е.В. СНЫТКОВ**

научный сотрудник лаборатории генетики человека  
ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси»,  
г. Минск, Республика Беларусь



**Т.Л. ЛЕБЕДЬ**

научный сотрудник лаборатории биохимии  
Республиканский научно-практический центр спорта,  
г. Минск, Республика Беларусь  
E-mail: [hlebus@mail.ru](mailto:hlebus@mail.ru)



**С.Б. МЕЛЬНОВ**, доктор биол. наук, профессор

профессор кафедры анатомии<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Белорусский государственный университет физической культуры и спорта,  
г. Минск, Республика Беларусь

E-mail: [sbmelnov@gmail.com](mailto:sbmelnov@gmail.com)



Статья поступила 13.10.2025 г.

**ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ СИСТЕМЫ БИОТРАНСФОРМАЦИИ  
КСЕНОБИОТИКОВ В ИГРОВЫХ ВИДАХ СПОРТА  
(НА ПРИМЕРЕ БАСКЕТБОЛА)**

**Цель** – анализ генетических особенностей системы биотрансформации ксенобиотиков у квалифицированных баскетболистов.

**Материалы и методы.** Молекулярно-генетический анализ полиморфизма генов CYP1B1 rs1056836, CYP2C19 rs12248560, CYP3A4 rs2740574, CYP3A5 rs776746, CYP2B6 rs707265, CYP2C19 rs4244285, CYP19A1 rs1008805) и 2-ой (GSTM1 rs366631, GSTP1 rs1695, GSTT1 rs17856199). Статистический анализ, анализ межгенных взаимодействий.

**Результаты.** Молекулярно-генетический анализ позволил установить частоты носительства неблагоприятных генотипов и аллелей генов биотрансформации веществ. Значимые различия в распределении генотипов выявлены для четырех локусов: GSTT1 (rs17856199), GSTM1 (rs366631), GSTP1 (rs1695) и CYP2B6 (rs707265). Модель межгенного взаимодействия базируется на полиморфизмах CYP2C19 (rs4244285), CYP2B6 (rs707265) и GSTT1 (rs17856199). Установлены характерные комбинации генотипов для группы спортсменов.

**Заклучение.** *Полученные данные могут быть полезны в фармакогенетике и персонализированной медицине для прогнозирования индивидуальных рисков и адаптационного потенциала конкретного спортсмена.*

**Ключевые слова:** *молекулярно-генетический маркер, полиморфизм гена, генетика спорта, баскетбол, биотрансформация веществ, детоксикация, адаптация, фенотип, энергообеспечение, физическая активность.*

**MA MING**, Postgraduate Student<sup>1</sup>

**SNYTKOV E.V.**, Researcher, Institute of Genetics & Cytology  
National Academy of Sciences of Belarus, Minsk, Republic of Belarus

**LEBED T.L.**, Researcher, Biochemistry Laboratory,  
Public Institution «Republican Scientific and Practical Center of Sports», Minsk, Republic of Belarus

**MELNOV S.B.**, Doctor of Biol. Sc.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Belarusian State University of Physical Culture, Minsk, Republic of Belarus

## **GAME SPORTS PLAYERS GENETIC PECULIARITIES IN XENOBIOTIC BIOTRANSFORMATION SYSTEM STATUS, AS THE EXAMPLE OF BASKETBALL**

**Objective.** *Analyses of the genetic xenobiotic biotransformation system peculiarities for the in qualified basketball players.*

**Materials and methods.** *Molecular genetic analysis for gene polymorphisms in CYP1B1 rs1056836, CYP2C19 rs12248560, CYP3A4 rs2740574, CYP3A5 rs776746, CYP2B6 rs707265, CYP2C19 rs4244285, CYP19A1 rs1008805, GSTM1 rs366631, GSTP1 rs1695, GSTT1 rs17856199 have been done. Statistical analysis, analysis of intergenic interactions were fullfield.*

**Results.** *Molecular genetic analysis allowed us to determine the carriage frequencies of unfavorable genotypes and alleles for biotransformation genes. Significant genotype distribution differences were identified for four loci: GSTT1 (rs17856199), GSTM1 (rs366631), GSTP1 (rs1695), and CYP2B6 (rs707265). The intergene interaction model has been based on polymorphisms of CYP2C19 (rs4244285), CYP2B6 (rs707265), and GSTT1 (rs17856199). Characteristic genotype combinations were identified for athletes group.*

**Conclusion.** *The obtained data may be useful in pharmacogenetics and personalized medicine for predicting individual risks and the adaptive potential for individual athletes.*

**Keywords:** *molecular genetic markers, gene polymorphism, sports genetics, basketball, biotransformation and detoxification, adaptation; physical activity.*

**Введение.** Командные спортивные игры – соревнования, в которых команды соревнуются друг с другом, используя различные тактические и физические навыки. Участники должны успешно владеть коммуникацией, координацией, стратегией, мышлением, физической подготовкой, внося индивидуальный вклад в общекомандный спортивный успех. Несмотря на то, что соревновательная деятельность имеет много общего в различных спортивных играх, однако каждая из них имеет свою специфику и определенные отличия, связанные с характером двигательной активности, способами взаимодействия с мя-

чом, интенсивностью и продолжительностью нагрузок, а также с критериями оценки спортивного результата.

Баскетбол – вид спорта, характеризующийся прерывистыми высокоинтенсивными упражнениями, при этом оптимальные результаты в баскетболе достигаются за счет физической тренированности и сочетания технико-тактических навыков. Энергообеспечение имеет аэробно-анаэробный характер, обеспечивая многократные переходы от высоко – к низкоинтенсивной деятельности. Но, при этом, как правило, ведущий фактор спе-

циальной работоспособности – анаэробное энергообеспечение организма.

Развитие специальной выносливости, высокий объем физических нагрузок – факторы, которые «выжимают» из атлета ресурсы и силы. Немаловажным становится вопрос о приоритетности протекающих в его организме биохимических процессах, в частности, биотрансформации (детоксикации) веществ, процесса, который способствует повышенной выносливости и восстановления. Сохранение здоровья, обеспечение спортивного долголетия спортсмена – наиболее важные задачи, решение которых возможно путем молекулярно-генетического тестирования, детализации адаптационно-приспособительных механизмов организма спортсмена [4]. Биохимическая адаптация, происходящая в организме спортсмена, является частью приспособления организма в целом к особым условиям окружающей среды.

Цитохром Р-450 [1] – класс монооксигеназ, ключевых ферментов метаболизма неполярных соединений экзогенного и эндогенного происхождения, локализован в мембранах эндоплазматической сети, в наружной митохондриальной мембране и ядерной оболочке. Это гемопротеид, осуществляющий реакции окисления молекулярным кислородом неполярных органических соединений с использованием НАДФ - Н, как источника эквивалентов окисления-восстановления. Функции Р-450 не ограничиваются лишь детоксикацией ксенобиотиков (печень, легкие, кожа). Он участвует в биотрансформации эндогенных веществ при их биосинтезе (например, окисление холестерина при синтезе стероидных гормонов, желчных кислот, ароматизации соединений).

Эндогенные активные метаболиты обладают высокой биологической активностью, в то время как метаболиты лекарств, ксенобиотиков весьма токсичны. Снижение токсичности достигается 2-ой фазой биотрансформации с участием конъюгирующих ферментов, в частности глутатионтрансфераз, сульфотрансфераз, метил- и ацилтрансфераз и др.

Глутатионтрансферазы (ГТs) – это семейство энзимов, катализирующих конъюгацию глутатиона с различными электрофильными субстратами и обладающих широкой субстратной специфичностью.

Выполнение физической нагрузки спортсменом происходит благодаря биохимическому обеспечению энергетических потребностей организма, а также активации восстановительных и адаптивных процессов. Несмотря на то, что процесс детоксикации также весьма важен, однако является неприоритетным во время физической работоспособности, т.к. на прямую не обеспечивает мышечную деятельность.

В контексте спортивной медицины детоксикационные процессы и дополнительные стимулирующие этот процесс приемы – перевод организма в гомеостатическое состояние, поддержка организма в состоянии готовности выполнения больших нагрузок, минимизация повреждения биологических структур на различных уровнях (молекулярном, клеточном, физиологическом). На сегодняшний день основное внимание исследователей в спортивной генетике сконцентрировано на изучении преддетерминирования морфофизиологических, энергетических особенностей, развития физической работоспособности, скоростно-силовых качеств спортсменов, поэтому данные генетических исследований о детоксикационных особенностях носят отрывочный, фрагментарный и несистематизированный характер.

Цель исследования – анализ генетических особенностей системы биотрансформации ксенобиотиков у квалифицированных баскетболистов.

#### **Материалы и методы исследования.**

Объектом исследования служили образцы буккального эпителия 51 спортсмена (27 девушек и 24 юноши), занимающихся баскетболом. Группа сравнения была представлена 51 человеком, профессионально не занимающимся спортом и не отличающихся по основным демографическим показателям (социальный статус, пол, возраст и т.д.) от представителей основной группы.

Для молекулярно-генетических исследований были отобраны полиморфные варианты генов, потенциально ассоциированные с метаболизмом ксенобиотиков и детоксикацией организма спортсмена. Одним из важнейших параметров для отбора SNP являлась частота минорного аллеля. Данные по частотам аллелей европейской популяции были взяты из базы данных dbSNP (Short Genetic Variations, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/snp/>).

Несмотря на тот факт, что некоторые полиморфные варианты располагаются в интронных областях ДНК и не принимают участия в кодировании основной сплайс-формы гена, нельзя исключать тот факт, что эффект таких SNP может быть обусловлен наличием регуляторной области в данном участке гена. При анализе же экзонов могут представлять интерес не только несинонимические замены, которые определяют изменения в аминокислотной последовательности кодируемой белковой молекулы, но и синонимические, поскольку они могут влиять на структуру и стабильность мРНК и на кинетику ее трансляции за счет использования разных изоакцепторных тРНК.

Молекулярно-генетические исследования проводились с использованием амплификатора Bio-Rad CFX96 Touch Real-Time PCR System (США). В качестве метода выделения ДНК был выбран метод фенольной экстракции с использованием готовой смеси ROTI®Phenol (CarlRoth, Германия).

Для последующей амплификации использовали универсальный, готовый к использованию реагент для ПРЦ с детекцией результатов в режиме «реального времени» ArtMix («АтрБиоТех», Республика Беларусь) в соответствии с рекомендуемым производителем протоколом. Для выявления достоверных различий между номинальными показателями использовали метод  $\chi$ -квадрат. Уровень статистической значимости  $p$  при множественных сравнениях вычислялся экспериментально для каждого конкретного случая в процессе моделирования в пакете SPSS v.20.0. Использовали точный критерий Фишера, основанный на пермутации – уровень  $p$  вычисляется по формулам комбинаторной теории вероятностей.

Анализ межгенных взаимодействий проводили биоинформатическим методом многофакторного сокращения размерности (multifactor dimensionality reduction,) с применением размещенного в открытом доступе программного обеспечения MDR v.3.0.2. В процессе моделирования были использованы высококонсервативные настройки поиска конфигурации модели, которые позволили однозначно дифференцировать наличие либо отсутствие статистически значимых эффектов: количество атрибутов; воспроизводимость модели – 100; анализ топ-моделей –

1000; поиск конфигурации модели – всесторонний; метод сравнения – точный тест Фишера; классификация ячеек – неклассифицированные. Математической базой данной программы является непараметрический кластерный анализ для обнаружения и описания нелинейного типа взаимодействия между дискретными генетическими атрибутами.

**Результаты и их обсуждение.** В настоящем исследовании анализировалось частотное распределение полиморфных систем, работа которых ассоциирована с 1-ой (CYP1B1 rs1056836, CYP2C19 rs12248560, CYP3A4 rs2740574, CYP3A5 rs776746, CYP2B6 rs707265, CYP2C19 rs4244285, CYP19A1 rs1008805) и 2-ой (GSTM1 rs366631, GSTP1 rs1695, GSTT1 rs17856199) фазами биотрансформации. Функции гена и эффекты неблагоприятного типа аллелей приведены в таблице 1.

Распределение генотипов и аллелей в исследуемой группе представлено в таблице 2. Полученные данные были сопоставлены с результатами группы, группы сравнения. Статистический анализ показал наличие значимых различий в распределении генотипов для четырех локусов: GSTT1 (rs17856199), GSTM1 (rs366631), GSTP1 (rs1695) и CYP2B6 (rs707265). Значения  $p$  для этих локусов были ниже общепринятого порога статистической значимости 0,05. Кроме того, был выявлен тренд в сторону статистической значимости для локуса CYP2C19 (rs4244285), где  $p$ -value составил 0,0505, что находится на границе значимости.

Первая фаза биотрансформации, в общем, характеризуется образованием промежуточных полярных метаболитов, зачастую с выраженным токсичным эффектом. Поэтому наиболее оптимальным вариантом развития данного процесса для организма спортсмена является медленное и постепенное высвобождение активированных веществ.

Среди полиморфных локусов 1-ой фазы биотрансформации у большинства спортсменов встречались гомозиготные генотипы (CYP1B1, CYP3A4), обуславливающие снижение активности данных цитохромов. Также можно отметить у 1/5 части обследованных сочетанное носительство «низкоактивных» аллелей одновременно по 5 полиморфным системам.

Таблица 1. – Характеристика исследуемых полиморфных систем

Полиморфизм гена	Функция	Эффект неблагоприятного аллеля
CYP1B1 C4326G Leu432Val (rs1056836)	Метаболизм ксенобиотиков (полициклические ароматические углеводороды, проканцерогены), лекарств и стероидов (холестерин, 17β-эстрадиол), жирных кислот	Val(G)-аллель – повышенная (3-кратная) активность фермента, участвующего в превращении эстрогенов или проканцерогенов в ДНК-реактивные электрофилы, которые могут действовать токсически, канцерогенно
CYP2C19 C(-806)T (rs12248560)	Метаболизм ряда ксенобиотиков, лекарств, прогестерона, жирных кислот, ретиноидов, желчных кислот, биогенных аминов, лейкотриенов	T-аллель – повышенная функция фермента
CYP3A4 A(-392)G (rs2740574)	Метаболизм около 60 % окисляемых препаратов, стероидов, ксенобиотиков, тестостерона	1B(G) – аллель с пониженной экспрессией каталитической активностью фермента
CYP3A5 A6986G (rs776746)	Метаболизм ксенобиотиков, множества лекарств, обмен холестерина, стероидов и других липидов	G-аллель – сниженная активность, развитие риска нежелательных лекарственных реакций
CYP2B6 G/A (rs707265)	Метаболизм множества лекарств, тестостерона и эстрадиола	A-аллель – повышенная активность фермента
CYP2C19 G681A (rs4244285)	Метаболизм около 20 % лекарств, стероидных гормонов и жирных кислот	A-аллель – снижение активности фермента
CYP19A1 (rs1008805)	Метаболизм лекарственных препаратов, ксенобиотиков, биотрансформация андрогенов в эстрогены	G-аллель – повышение активности ароматазы
GSTT1 rs17856199	Защита организма от повреждений, вызванных токсинами и свободными радикалами, образованными в ходе 1-ой фазы биотрансформации	A-аллель – маркер делеции региона гена, нарушение метаболического выведения канцерогенных соединений из организма
GSTM1 C/T (rs366631)	Защита организма от повреждений, вызванных токсинами и свободными радикалами, образованными в ходе 1-ой фазы биотрансформации	T-аллель – маркер делеции региона гена, нарушение метаболического выведения канцерогенных соединений из организма
GSTP1 A3136G Ile105Val rs1695	Защита организма от повреждений, вызванных токсинами и свободными радикалами, образованными в ходе 1-ой фазы биотрансформации	Val(G)-аллель – снижение активности фермента, вследствие чего повышена чувствительность к воздействию канцерогенов и токсинов

Таблица 2. – Распределение генотипов и аллелей в группах сравнения и спортсменов

Локус	Генотип / аллель	Группа сравнения		Спортсмены		p	$\chi^2$
		n	%	n	%		
1	2	3	4	5	6	7	8
CYP1B1 rs1056836	CC	15	27.27	12	23.53	0.2933	2.45
	CG	20	36.36	13	25.49		
	GG	20	36.36	26	50.98		
	C	50	45.45	37	36.27	0.2000	1.48
	G	60	54.55	65	63.73		
CYP2C19 rs12248560	CC	31	56.36	30	58.82	0.9332	0.14
	CT	18	32.73	15	29.41		
	TT	6	10.91	6	11.77		
	C	80	72.73	75	73.53	1.0000	0.00
	T	30	27.27	27	26.47		



Окончание таблицы 2

1	2	3	4	5	6	7	8
CYP3A4 rs2740574	GG	0	0.00	0	0.00	0.2532	1.31
	GA	8	14.55	3	5.88		
	AA	47	85.45	48	94.12		
	G	8	7.27	3	2.94	0.2180	1.23
	A	102	92.73	99	97.06		
CYP3A5 rs776746	GG	40	72.73	43	84.31	0.2658	2.65
	GA	11	20.00	7	13.73		
	AA	4	7.27	1	1.96		
	G	91	82.73	93	91.18	0.1030	2.60
	A	19	17.27	9	8.82		
CYP2B6 rs707265	AA	12	21.82	4	7.84	<b>0.0364*</b>	6.63
	AG	13	23.64	22	43.14		
	GG	30	54.55	25	49.02		
1	2	3	4	5	6	7	8
	A	37	33.64	30	29.41	0.5560	0.26
	G	73	66.36	72	70.59		
CYP2C19 rs4244285	AA	2	3.64	9	17.65	0.0505	5.97
	AG	11	20.00	11	21.57		
	GG	42	76.36	31	60.78		
	A	15	13.64	29	28.43	<b>0.0110*</b>	6.17
	G	95	86.36	73	71.57		
CYP19A1 rs1008805	AA	20	36.36	18	35.29	0.3209	2.27
	AG	28	50.91	21	41.18		
	GG	7	12.73	12	23.53		
	A	68	61.82	57	55.88	0.404	0.54
	G	42	38.18	45	44.12		
GSTT1 rs17856199	AA	39	70.91	51	100.00	<b>0.0002*</b>	17.47
	AC	10	18.18	0	0.00		
	CC	6	10.91	0	0.00		
	A	88	80.00	102	100.00	<b>0.0000*</b>	20.66
	C	22	20.00	0	0.00		
GSTM1 rs366631	TT	38	69.09	38	74.51	<b>0,0266*</b>	7.25
	TC	10	18.18	13	25.49		
	CC	7	12.73	0	0.00		
	T	86	78.18	89	87.25	0.1030	2.42
	C	24	21.82	13	12.75		
GSTP1 rs1695	AA	20	36.36	33	64.70	<b>0,0023*</b>	12.19
	AG	30	54.55	11	21.57		
	GG	5	9.09	7	13.73		
	A	70	63.64	77	75.49	0.0700	2.96
	G	40	36.36	25	24.51		

\*p<0.05

При сравнении групп спортсменов и сравнения были обнаружены значимые различия для гена CYP2B6 (rs707265). Так наблюдалось уменьшение количества генотипов AA и GG в группе спортсменов. Относительно локуса rs4244285 (CYP2C19) можно отметить следующее: значение  $p$  близко к порогу статистической значимости, что дает нам основание говорить о тенденции к влиянию дан-

ного локуса на процесс детоксикации. Так наблюдалось снижение доли генотипа GG в основной группе, в то время как в группе сравнения он встречался чаще. Такая тенденция может указывать на потенциальную роль этого аллельного варианта в адаптации индивида к физическим нагрузкам, однако требует его дальнейшего изучения на более крупных выборках. Для остальных изученных

локусов (rs1056836, rs12248560, rs2740574, rs776746, rs1008805) значимых различий между группами в распределении генотипов выявлено не было.

Для второй фазы биотрансформации характерны конъюгационные процессы, направленные на снижение токсичности промежуточных полярных метаболитов и повышение способности для выведения из организма. Наиболее оптимальным вариантом развития данного процесса для организма спортсмена является быстрый процесс конъюгации.

Для локуса rs17856199 (GSTT1) в группе спортсменов не были выявлены генотипы АС и СС и наблюдалось явное преобладание генотипа АА по сравнению с группой сравнения. Похожая ситуация была отмечена для rs366631 (GSTM1): генотип СС отсутствовал в группе спортсменов, в отличие от группы сравнения. Лocus rs1695 (GSTP1) также демонстрировал значимую ассоциацию: наиболее распространенным в группе спортсменов был генотип АА, тогда как генотип АG чаще наблюдался в группе сравнения. Это позволяет предположить, что данные аллельные варианты могут быть связаны с изучаемым фенотипом.

Гены GSTT1, GSTM1 и GSTP1 кодируют ферменты глутатион-S-трансферазы, играющие ключевую роль в детоксикации электрофильных соединений. Полиморфизмы данных генов приводят к снижению или полной потере активности ферментов, что, в свою очередь, приводит к понижению детоксикационной функции и повышению риска развития мультифакторных заболеваний, а также влияют на индивидуальную чувствительность к лекарственным препаратам. Так у всех обследованных спортсменов установлено сочетанное носительство «неблагоприятных» аллелей генов GSTT1, GSTM1 и GSTP1: 13,73% – 1 гомо- и 1 гетерозиготный вариант генотипов, 9,80% – 1 гомо- и 2 гетерозиготных варианта, 9,80% – 1 гомо- и 2 гетерозиготных варианта, 50,98% – 2 гомозиготных варианта, 13,73% – 2 гомо- и 1 гетерозиготный вариант, 11,76% – 3 гомозиготных варианта. Учитывая сложность и динамичность биохимических процессов во время выполнения физической нагрузки, а также потенциальное генетическое несовершенство процессов биотрансформации, можно кон-

статировать, что указанные гены могут играть важную роль, гарантируя выносливость и ускоренное восстановление спортсмена.

Для индивидуальной оценки процесса биотрансформации спортсменов был применен метод общего генетического балла (ОГБ). «Благоприятному» генотипу было присвоено 0 баллов, «неблагоприятному» – 3 балла, гетерозиготному – 2 балла. Сумма всех баллов каждого спортсмена делилась на 30, что соответствовало максимальному значению, и выражалась в процентах.

Так минимальное значение ОГБ составило 50,00%, максимальное – 80,00%, среднее – 66,54%. У большинства спортсменов наблюдалось сочетанное носительство «неблагоприятных» аллельных вариантов, что может обуславливать индивидуальные особенности предрасположенности как к снижению метаболизма ксенобиотиков, фармакологических средств, эндогенных метаболитов («медленный метаболайзер»), так и к его активации («быстрый метаболайзер»). Частный случай – десинхронизация 1-ой и 2-ой фаз биотрансформации, что способствует максимальному причинению ущерба организму особенно на фоне высокой физической активности.

Моделирование взаимодействия исследуемых полиморфных вариантов генов было проведено с учетом всей полученной в процессе молекулярно-генетического анализа информации. Преимуществом использованного MDR-анализа является возможность оценить совокупные взаимодействия, ассоциированные с формированием мультифакториального фенотипа [2,3]. Так установлен ярко выраженный синергичный эффект rs1008805 и rs12248560, в то время как rs1695 и rs17856199 характеризуются дублирующим эффектом.

Результаты моделирования межгенных взаимодействий позволили построить статистически значимую генетическую модель биотрансформации веществ.

Модель базируется на трех полиморфизмах: CYP2C19 (rs4244285), CYP2B6 (rs707265) и GSTT1 (rs17856199).

Характеристики разработанной модели: сбалансированная точность предсказания – 74,27%, чувствительность – 100,00%, специфичность – 94,44%, воспроизводимость – 97/100,  $\chi^2 = 24,0404$  при  $p < 0,0001$ ) показаны на рисунке.

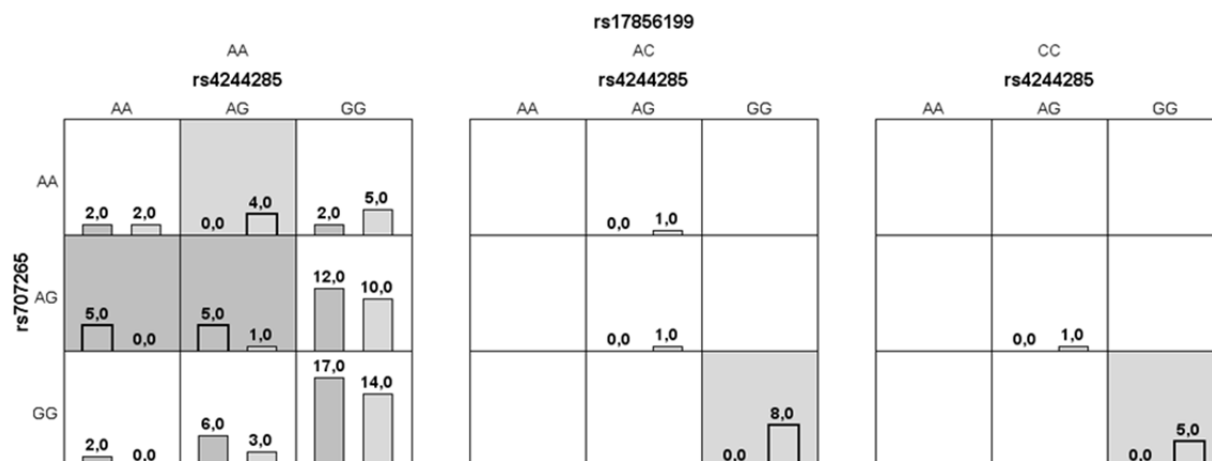


Рисунок – Разработанная модель межгенных взаимодействий

Для группы спортсменов характерны комбинации генотипов (темно-серый цвет):

AA (rs17856199) // AA (rs4244285) // AG (rs707265)

AA (rs17856199) // AG (rs4244285) // AG (rs707265)

В то же время, для группы сравнения характерны следующие генотипы (светло-серый цвет):

AA (rs17856199) // AG (rs4244285) // AA (rs707265)

CC (rs17856199) // GG (rs4244285) // GG (rs707265)

AC (rs17856199) // GG (rs4244285) // GG (rs707265)

Иные комбинации генотипов не показали статистически значимых различий.

**Заключение.** В ходе наших исследований установлено, что полиморфизмы генов GSTT1 (rs17856199), GSTM1 (rs366631), GSTP1 (rs1695) и CYP2B6 (rs707265) значимо влияют на адаптационные возможности организма. Выявленные генные сети, включающие полиморфные аллели генов CYP2C19 (rs4244285), CYP2B6 (rs707265) и GSTT1 (rs17856199), способствуют формированию устойчивого адаптивного фенотипа, снижая риск развития патологических состояний. Учитывая высокую энергозатратность процессов биотрансформации у спортсменов, можно допустить, что указанные особенности способствуют оптимизации энергетических ресурсов и их экономии, направляя их на физическую активность.

Известно также, что долголетие может быть связано с носительством аллелей, обеспечивающих более эффективный метаболизм ксенобиотиков [5], что снижает экологическую нагрузку на организм человека. Таким образом, полученные данные могут быть полезны в фармакогенетике и персонализированной медицине для прогнозирования индивидуальных рисков и адаптационного потенциала конкретного баскетболиста.

Генетические исследования, включая анализ полиморфизмов ферментов детоксикации и MDR-анализ, открывают новые возможности для прогнозирования спортивного потенциала, оптимизации здоровья спортсменов и продления активного долголетия.

#### Список использованных источников

1. Вавилин, В. А. Роль полиморфных вариантов генов CYP3A4, CYP3A5, CYP1A1 и CYP2B6 в развитии органотоксических эффектов химиотерапии у больных лимфомой Ходжкина / В. А. Вавилин, О. Б. Горева, Я. Ю. Шебуняева [и др.] // Фармакогенетика и фармакогеномика. – 2024. – № 1. – С. 31-43. – DOI 10.37489/2588-0527-2024-1-31-43.
2. Иванюкович, В. А. Интерпретация динамики энтропии при проведении генетических исследований методом снижения мультифакторной размерности / В. А. Иванюкович, С. Б. Мельнов, М. Мин // Экспериментальная биология и биотехнология. – 2025. – № 1. – С. 40-46.



3. Лебедь, Т. Л. Многофакторное снижение размерности (MDR-анализ) в генетических исследованиях / Т. Л. Лебедь, Н. В. Жур, Н. В. Шепелевич // Российский журнал информационных технологий в спорте. – 2024. – Т. 1. – № 3. – С. 16-21. – DOI 10.62105/2949-6349-2024-1-3-16-21.
4. Сосна, Л. С. Роль генов систем биотрансформации в индивидуализации фармакологического обеспечения спортсменов / Л. С. Сосна, А. С. Козлова, С. Б. Мельнов // Сахаровские чтения 2015 года : экологические проблемы XXI века : 15-я международная научная конференция, 21-22 мая 2015 года. – Мн., 2015. – С. 94-95.
5. Эрдман, В. В. Ассоциация с возрастом ДНК-маркеров генов «фармакологического ответа» в этнической группе абхазов / В. В. Эрдман, Т. Р. Насибуллин, И. А. Туктарова [и др.] // Фармакогенетика и фармакогеномика. – 2020. – №2. – С. 24-25. – DOI 10.37489/2588-0527-2020-2-24-25.
1. Vavilin V.A., O. B. Goreva, Ya. Yu. Shebunyaeva, S. I. Makarova, M. S. Voitko, A. Yu. Grishanova, T. I. Rol' polimorfny'kh variantov genov CYP3A4, CYP3A5, CYP1A1 i CYP2B6 v razvitii organotoksicheskikh e'ffektov khimioterapii u bol'ny'kh limfomoy Khodzhkina [Pospelova The role of polymorphic variants of the CYP3A4, CYP3A5, CYP1A1 and CYP2B6 genes in the development of organotoxic effects of chemotherapy in patients with Hodgkin's lymphoma]. *Farmakogenetika i farmakogenomika* [Pharmacogenetics and pharmacogenomics]. 2024, no. 1, pp. 31-43. (In Russian). DOI: 10.37489/2588-0527-2024-1-31-43
2. Ivanyukovich V.A., Melnov S.B., Min M. Interpretatsiya dinamiki e'ntropii pri provedenii geneticheskikh issledovaniy metodom snizheniya mul'tifaktornoj razmernosti [Interpretation of the dynamics of entropy in genetic studies using the multifactorial dimensionality reduction method]. *E'ksperimental'naya biologiya i biotekhnologiya* [Experimental biology and biotechnology]. 2025, no. 1, pp. 40-46. (In Russian)
3. Lebed T.L., Zhur N.V., Shepelevich N.V. Mnogofaktornoe snizhenie razmernosti (MDR-analiz) v geneticheskikh issledovaniyakh [Multifactorial dimensionality reduction (MDR analysis) in genetic studies]. *Rossiyskiy zhurnal informatsionny'kh tekhnologiy v sporte* [Russian journal of information technology in sports]. 2024. Vol. 1, no. 3, pp. 16-21. (In Russian). DOI 10.62105/2949-6349-2024-1-3-16-21.
4. Sosna L.S., Kozlova A.S., Melnov S.B. Rol' genov sistem biotransformatsii v individualizatsii farmakologicheskogo obespecheniya sportsmenov [The role of genes of biotransformation systems in the individualization of pharmacological support for athletes]. *Sakharovskie chteniya 2015 goda : e'kologicheskie problemy` XXI veka* [Sakharov Readings 2015: Environmental Problems of the 21st Century]. Minsk, 2015, pp. 94-95. (In Russian)
5. Erdman V.V., Nasibullin T.R., Tuktartova I.A., Timasheva Ya. R., Matua A. Z., Viktorova T.V. [Association of DNA markers of "pharmacological response" genes with age in the ethnic group of Abkhazians]. [Pharmacogenetics and pharmacogenomics]. 2020, no. 2, pp. 24-25. (In Russian). DOI 10.37489/2588-0527-2020-2-24-25.

#### References

Received 13.10.2025