Миронова Ю.С.¹, Жукова И.А.¹, Жукова Н.Г.¹, Иванова С.А.², Алифирова В.М.¹, Бойко А.С.², Османова Д.З.², Ижболдина О.П.¹, Латыпова А.В.¹

¹ФГБОУ ВО «Сибирский государственный медицинский университет» Минздрава России, Томск, Россия; ²Научно-исследовательский институт психического здоровья, Томский национальный исследовательский медицинский центр РАН, Томск, Россия

¹634050, Томск, Московский тракт, 2; ²634014, Томск, ул. Алеутская, 4

Болезнь Паркинсона и полиморфизмы генов глутаматергической системы *GRIN2A*, *SLC1A2* и *GRIK4*

В настоящее время болезнь Паркинсона (БП) все чаще рассматривается как мультисистемное расстройство, связанное с мультинейротрансмиттерной дисфункцией, поэтому актуальным является поиск генетических факторов риска, определяющих различные клинические варианты течения данного заболевания.

Цель исследования — изучение ассоциаций БП с полиморфными вариантами генов глутаматергической системы: GRIN2A, кодирующего NMDA-рецептор; SLC1A2, кодирующего глиальный глутаматный транспортер; GRIK4, кодирующего ионотропный глутаматный каинатный рецептор.

Заключение. Выявленная достоверная ассоциация полиморфизма rs1954787 гена GRIK4 с дрожательной формой БП позволяет предположить роль патологии глутаматергической системы в патофизиологических процессах данного заболевания.

Ключевые слова: болезнь Паркинсона; однонуклеотидные полиморфизмы; ген GRIN2A; ген SLC1A2; ген GRIK4.

Контакты: Юлия Сергеевна Миронова; mir.yuli@mail.ru

Для ссылки: Миронова ЮС, Жукова ИА, Жукова НГ и др. Болезнь Паркинсона и полиморфизмы генов глутаматергической системы GRIN2A, SLC1A2 и GRIK4. Неврология, нейропсихиатрия, психосоматика. 2018;10(2):27—32.

Parkinson's disease and polymorphisms of the glutamatergic system genes GRIN2A, SLC1A2, and GRIK4

Mironova Yu.S.¹, Zhukova I.A.¹, Zhukova N.G.¹, Ivanova S.A.², Alifirova V.M.¹, Boiko A.S.², Osmanova D.Z.², Izhboldina O.P.¹, Latypova A.V.¹

Siberian State Medical University, Ministry of Health of Russia, Tomsk, Russia; ²Mental Health Research Institute,

Tomsk National Research Medical Center, Russian Academy of Sciences, Tomsk, Russia

12. Moskovsky Boad, Towelt 624050, 24. Aloutsky St. Towelt 624014

¹2, Moskovsky Road, Tomsk 634050; ²4, Aleutskaya St., Tomsk 634014

Parkinson's disease (PD) is now increasingly considered as a multi-system disorder associated with multi-neurotransmitter dysfunction, so it is important to search for genetic risk factors that determine different clinical types of this disease.

Objective: to investigate the associations of PD with the polymorphic variants of glutamatergic system genes, such as GRIN2A encoding the N-methyl-D-aspartate (NMDA) receptor; SLC1A2 encoding the glial glutamate transporter; and GRIK4 encoding the ionotropic glutamate kainate receptor.

Patients and methods. Examinations were made in 222 patients diagnosed with Parkinson's disease and 318 healthy individuals, who were an ethnic Russian population from the Siberian Region. Genotyping using one single-nucleotide polymorphism was performed in three glutamatergic system genes: the polymorphisms were rs2650427 in the GRIN2A gene, rs4354668 in the SLC1A2 gene, and rs1954787 in the GRIK4 gene. The results were statistically processed using the SPSS Statistics 23.0.

Results and discussion. In the group of patients with tremor-dominant PD, the GRIK4 polymorphism rs 1954787 showed a considerable increase in frequency of the T allele (66.7%) and a reduction in that of the C allele (33.3%) as compared to their distribution in the control group (42.1 and 57.9%, respectively; χ^2 =7.70; p=0.006). The odds ratio (OR) was calculated for all of the genotypes and alleles of the investigated polymorphisms; the ratio showed that the C allele of the GRIK4 polymorphism rs 1954787 had a protective effect (OR, 0.36; 95% CI, 0.17–0.76), whereas the T allele (OR, 2.75; 95% CI, 1.32–5.75) and the homozygous TT genotype (OR, 3.40; 95% CI, 1.21–9.53) were found to predispose to the development of tremor-dominant PD.

Conclusion. The found significant association of the GRIK4 polymorphism rs1954787 with the tremor-dominant PD may suggest that abnormalities in the glutamatergic system play a role in the pathophysiological processes of the disease.

Keywords: Parkinson's disease; single-nucleotide polymorphisms; GRIN2A gene; SLC1A2 gene; GRIK4 gene.

Contact: Yulia Sergeevna Mironova; mir.yuli@mail.ru

For reference: Mironova YuS, Zhukova IA, Zhukova NG, et al. Parkinson's disease and polymorphisms of the glutamatergic system genes GRIN2A, SLC1A2, and GRIK4. Nevrologiya, neiropsikhiatriya, psikhosomatika = Neurology, neuropsychiatry, psychosomatics. 2018;10(2):27–32.

DOI: 10.14412/2074-2711-2018-2-27-32

Болезнь Паркинсона (БП) — распространенное нейродегенеративное заболевание, поражающее более 1% лиц старше 65 лет [1]. Заболеваемость БП в мире возрастает пропорционально увеличению продолжительности жизни населения [2]. Клинически БП характеризуется тремором покоя, брадикинезией, ригидностью и постуральной неустойчивостью. Основным локусом болезни является нигростриарный путь, состоящий из пигментированных дофаминергических нейронов в черной субстанции и вентральной области покрышки среднего мозга со стриатумом [3].

Постоянная дегенерация дофаминергических нейронов является ключевым механизмом двигательной дисфункции при БП. Именно поэтому основной принцип коррекции моторных нарушений связан с восполнением дефицита дофамина. Однако заместительная терапия не купирует все клинические проявления и не останавливает прогрессирование БП. Пациенты часто страдают от желудочно-кишечных, вегетативных и когнитивных немоторных проявлений. Изучение этих проявлений позволяет сделать вывод, что патология распространяется за пределы нигростриарного пути и начинается за многие годы до явных моторных симптомов [4]. Хотя точная причина спорадической БП остается неизвестной, выявление семейных и редких токсических форм болезни заложило основу для широкомасштабных исследований генома и факторов окружающей среды. Исследования, включающие оценку клинических аспектов заболевания и генетический анализ, показали, что БП представляет собой многофакторное расстройство с широким спектром клинических вариантов течения, при которых поражаются не только дофаминергическая, но и другие нейромедиаторные системы [5].

Относительная роль генетических и экологических факторов в патогенезе БП была в центре внимания исследователей в последние 100 лет [6]. Открытие 1-метил-4-фенил-1,2,3,6-тетрагидропиридин(МФТП)-индуцированного паркинсонизма у внутривенных наркоманов положило начало многочисленным эпидемиологическим исследованиям, в которых оценивали потенциальные экологические факторы, хотя до настоящего времени не выявлено конкретного агента. Мутации в генах *a-synuclein* и *PARKIN* были продемонстрированы на небольших группах пациентов с аутосомно-доминантным и рецессивным типами наследования БП [7]. Однако роль генетических и экологических факторов у большинства пациентов с БП пока не определена.

Открытие генов, вовлеченных в семейные формы БП, дало новое представление о молекулярных механизмах, ведущих к нейродегенерации [8]. Моногенные формы БП, вызванные одной мутацией в доминантно или рецессивно унаследованном гене, являются установленными, хотя и относительно редкими. На них в совокупности приходится около 30% семейных и 3—5% спорадических случаев БП [9]. Вероятнее всего, этиология БП является результатом сложного взаимодействия преимущественно неизвестных факторов (нескольких генов, окружающей среды, совместно генов и окружающей среды, например воздействия экологи-

ческих агентов на экспрессию генов) и их непосредственного влияния на развивающийся и стареющий мозг [10].

В последнее время активно проводятся генетические исследования, направленные на поиск мутаций в генах, связанных с функционированием нейромедиаторных систем при БП [11]. БП все чаще рассматривается как мультисистемное расстройство, вызванное мультинейротрансмиттерной дисфункцией, в патогенез которого вовлечена не только дофаминергическая система, но и другие системы, в том числе глутаматергическая [12]. Полиморфизмы генов глутаматергической системы изучены недостаточно, а данные литературы противоречивы. Известно, что полиморфные варианты генов, кодирующих субъединицы NMDA-рецепторов и транспортеры глутамата, можно считать определяющими вероятность развития БП. Были обнаружены ассоциации мутации генов GRIN2A и GRIN2B с низким риском развития БП у пациентов, употребляющих кофе [13]. В другом исследовании выявлены ассоциации полиморфизмов rs7192557 и rs8057394 гена GRIN2A с возникновением дискинезии у пациентов с БП [14]. Ген SLC1A2 отвечает за удаление глутамата из синаптической щели, снижая тем самым нейротоксичность. Роль мутаций этого гена была продемонстрирована ранее в патогенезе эссенциального тремора, бокового амиотрофического склероза, височной эпилепсии [15], а также в патофизиологии шизофрении и других психических заболеваний [16]. Однако это не позволяет дать однозначный ответ о возможной ассоциации генов глутаматергической системы и БП. Ввиду широкой распространенности и социальной значимости данного заболевания с каждым годом становится более актуальной необходимость всестороннего изучения его патогенеза.

Цель исследования — изучение ассоциаций полиморфных вариантов генов глутаматергической системы с БП.

Пациенты и методы. *Критериями включения* больных в исследование являлись: установленный диагноз БП, подписанное добровольное информированное согласие на участие в исследовании.

Критерии исключения: отказ от участия в исследовании; наличие значимого психического или соматического заболевания, которое, по мнению исследователей, могло создать нежелательный риск для пациента.

В исследование вошли 222 пациента с клинически достоверным диагнозом БП, находившихся на лечении в неврологическом отделении клиник ФГБОУ ВО «Сибирский государственный медицинский университет» Минздрава России. Диагноз формулировали в соответствии с МКБ-10 (код рубрики — G20) и рекомендациями Центра экстрапирамидных заболеваний Минздрава России с указанием клинической формы, наличия постуральной неустойчивости и нарушения ходьбы, с уточнением стадии болезни, темпа прогрессирования [17].

Средний возраст пациентов составил $67,7\pm9,5$ года (от 38 до 89 лет). Среди обследованных были 131 (59%) женщина и 91 (41%) мужчина, средний возраст дебюта заболевания — $60,4\pm9,9$ года. При этом у большинства обследован-

Таблица 1.	Частота генотипов и аллелей	полиморфных	вариантов г	енов GRIN2A, "	SLC1A2
	и GRIK4 у пациентов с БП и в	контрольной	группе		

			_			
Ген, полиморфизм	Генотип, аллель	Пациенты с БП (п, %)	Контрольная группа (п, %)	χ²	p	ОШ [95% ДИ]
GRIN2A rs2650427	CC CT TT C T	52 (31,5) 84 (50,9) 29 (17,6) 188 (57,0) 142 (43,0)	29 (35,8) 40 (49,4) 12 (14,8) 98 (60,5) 64 (39,5)	0,58	0,75	0,83 [0,47-1,45] 1,06 [0,62-1,81] 1,23 [0,59-2,55] 0,86 [0,59-1,27] 1,16 [0,79-1,70]
SLC1A2 rs4354668	GG GT TT G T	35 (19,7) 83 (46,6) 60 (33,7) 153 (43,0) 203 (57,0)	29 (14,3) 99 (48,8) 75 (36,9) 157 (38,7) 249 (61,3)	2,00	0,37	1,47 [0,86-2,52] 0,92 [0,61-1,37] 0,87 [0,57-1,32] 1,20 [0,89-1,60] 0,84 [0,63-1,12]
GRIK4 rs1954787	CC CT TT C T	35 (28,0) 59 (47,2) 31 (24,8) 129 (51,6) 121 (48,4)	44 (34,9) 58 (46,0) 24 (19,0) 146 (57,9) 106 (42,1)	1,92 2,03	0,38	0,72 [0,42–1,24] 1,05 [0,64–1,72] 1,40 [0,77–2,56] 0,77 [0,54–1,10] 1,29 [0,91–1,84]

ных (55,4%) дебют БП приходился на возраст 60 лет и старше, до 60 лет заболевание развилось у 44,6% пациентов. Продолжительность БП варьировала в широком диапазоне — от 1 года до 25 лет, составляя в среднем $7,2\pm5,1$ года. В зависимости от преобладания одного из основных клинических проявлений заболевания (акинезия, ригидность, тремор) у пациентов определены следующие формы БП: дрожательная — у 27 (12,2%), акинетико-ригидная — у 59 (26,6%), акинетико-ригидно-дрожательная — у 136 (61,3%). Чаще всего дебют БП протекал моносимптомно, причем у подавляющего большинства пациентов (124/55,9%) заболевание началось с тремора покоя.

Все пациенты получали комбинированную противопаркинсоническую терапию. Среднюю дозу дофаминергических препаратов определяли методом расчета эквивалентной дозы леводопы (LED) [18], которая составила 739,87±419,08 мг/сут.

Группа контроля включала 318 здоровых лиц без проявлений паркинсонизма и тяжелой соматической патологии, их средний возраст составил $50,5\pm12,1$ года.

Все лица, участвовавшие в исследовании, являлись этническими русскими, жителями Сибирского региона.

Все участники подписали добровольное информированное согласие на проведение молекулярно-генетических анализов. Протокол исследования одобрен локальным этическим комитетом $\Phi\Gamma$ БОУ ВО «Сибирский государственный медицинский университет» от 02.11.2015 г. № 4318.

В качестве материала для исследования использовали венозную кровь, которую брали из локтевой вены утром, натощак, в пробирки фирмы BD Vacutainer (Becton Dickinson International, США) с антикоагулянтом этилендиаминтетраацетатом. Выделение ДНК из лейкоцитов цельной периферической крови проводили стандартным фенолхлороформным методом. Аллельные варианты генов GRIN2A, SLC1A2 и GRIK4 определяли на базе лаборатории молекулярной генетики и биохимии Научно-исследовательского института психического здоровья методом полимеразной цепной реакции в режиме реального времени с использованием наборов ТаqMan® SNP Genotyping Assay фирмы Applied Biosystems (США). Амплификацию и анализ

результатов осуществляли с помощью прибора StepOnePlus (Applied Biosystems, США). Статистическую обработку проводили с помощью программы SPSS 23.0. Распределение частот генотипов по исследованным полиморфным локусам проверяли на соответствие равновесию Харди—Вайнберга. Для сравнения частот генотипов и аллелей в исследуемых группах использовали критерий χ^2 . Различия считали достоверными при уровне значимости $p \le 0,05$. Оценку риска проводили с помощью показателя отношения шансов (ОШ) с 95% доверительным интервалом (95% ДИ).

Результаты и обсуждение. Сравнение распределения частот генотипов и аллелей полиморфизмов rs2650427 гена GRIN2A, rs4354668 гена SLC1A2 и rs1954787 гена GRIK4 в группе БП и контрольной группе не выявило статистически значимых различий (p>0,05; табл. 1). Распределение частот генотипов полиморфных маркеров соответствовало равновесию Харди—Вайнберга: для GRIN2A (rs2650427) в группе с БП χ^2 =0,24, p=0,62, в контрольной группе χ^2 =0,09, p=0,77; для SLC1A2 (rs4354668) — χ^2 =0,42, p=0,52 и χ^2 =0,16, p=0,69 соответственно и для GRIK4 (rs1954787) — χ^2 =0,38, p=0,54 и χ^2 =0,39, p=0,53 соответственно.

При сравнении частот генотипов и аллелей полиморфных локусов rs2650427 гена GRIN2A, rs4354668 гена SLC1A2 и rs1954787 гена GRIK4 в группах в зависимости от клинической формы БП достоверные различия были выявлены для полиморфизма rs1954787 гена GRIK4 (табл. 2). В группе пациентов с дрожательной формой БП отмечалась повышенная частота аллеля T - 66,7% в сравнении с 41,7%в группе с акинетико-ригидной формой ($\chi^2=6,00$; p=0,01; ОШ 2,80; 95% ДИ 1,21-6,46) и 47,2% в группе с акинетикоригидно-дрожательной формой ($\chi^2=4,36$; p=0,04; ОШ 2,24; 95% ДИ 1,04-4,82), а также более редкая встречаемость аллея С у пациентов с дрожательной формой БП - 33,3% в сравнении с 58,3% в группе с акинетико-ригидной формой $(\chi^2=6,00; p=0,01; OШ 0,36; 95\% ДИ 0,15-0,82)$ и 52,8% с акинетико-ригидно-дрожательной формой ($\chi^2 = 4,36$; р=0,04; ОШ 0,45; 95% ДИ 0,21-0,96). Генотип ТТ был выявлен у 44,4% пациентов с дрожательной формой БП против 16,7% больных с акинетико-ригидной формой ($\chi^2=5,93$; р=0,05; ОШ 4,00; 95% ДИ1,11-14,35; см. табл. 2).

Таблица 2. Сравнение частоты генотипов и аллелей полиморфных вариантов генов GRIN2A, SLC1A2 и GRIK4 у пациентов с БП в зависимости от формы заболевания

Ген, полиморфизм,	Пациенты с БП (n, %)			ОШ [95% ДИ]		
генотип, аллель	Д	AP	АРД	Д/АР	Д/АРД	АР/АРД
GRIN2A rs2650427	19 (11,5)	45 (27,3)	101 (61,2)			
CC	8 (42,1)	16 (35,6)	28 (27,7)	1,32 [0,44–3,95]	1,90 [0,69–5,20]	1,44 [0,68–3,04]
CT	7 (36,8)	21 (46,7)	56 (55,4)	0,67 [0,22–2,00]	0,47 [0,17–1,29]	0,70 [0,35–1,42]
TT	4 (21,1)	8 (17,8)	17 (16,8)	1,23 [0,32–4,72]	1,32 [0,39–4,46]	1,07 [0,42–2,69]
С	23 (60,5)	53 (58,9)	112 (55,4)	1,07 [0,49–2,32]	1,23 [0,61–2,50]	1,15 [0,70–1,90]
T	15 (39,5)	37 (41,1)	90 (44,6)	0,93 [0,43–2,03]	0,81 [0,40–1,65]	0,87 [0,53–1,44]
SLC1A2 rs4354668	23 (12,9)	45 (25,3)	110 (61,8)			
GG	6 (26,1)	6 (13,3)	23 (20,9)	2,29 [0,65–8,14]	1,34 [0,47–3,77]	0,58 [0,22–1,54]
GT	9 (39,1)	21 (46,7)	53 (48,2)	0,73 [0,26–2,04]	0,69 [0,28–1,73]	0,94 [0,47–1,89]
TT	8 (34,8)	18 (40,0)	34 (30,9)	0,80 [0,28–2,77]	1,19 [0,46–3,08]	1,49 [0,72–3,06]
G	21 (45,7)	33 (36,7)	99 (45,0)	1,45 [0,71–2,98]	1,03 [0,54–1,94]	0,71 [0,43–1,17]
T	25 (54,3)	57 (63,3)	121 (55,0)	0,69 [0,34–1,42]	0,97 [0,51–1,84]	1,41 [0,85–2,34]
GRIK4 rs1954787	18 (14,4)	36 (28,8)	71 (56,8)			
CC	2 (11,1)	12 (33,3)	21 (29,6)	0,25 [0,05–1,27]	0,30 [0,06–1,41]	1,19 [0,50–2,81]
СТ	8 (44,4)	18 (50,0)	33 (46,5)	0,80 [0,26–2,49]	0,92 [0,33–2,61]	1,15 [0,52–2,57]
TT	8 (44,4)	6 (16,7)	17 (23,9)	4,00* [1,11–14,35]	2,54 [0,86–7,47]	0,64 [0,23–1,78]
С	12 (33,3)	42 (58,3)	75 (52,8)	0,36* [0,15–0,82]	0,45* [0,21–0,96]	1,25 [0,71–2,22]
T	24 (66,7)	30 (41,7)	67 (47,2)	2,80* [1,21–6,46]	2,24* [1,04–4,82]	0,80 [0,45–1,42]

Примечание. Здесь и в табл. 3: Д – дрожательная, AP – акинетико-ригидная, APД – акинетико-ригидно-дрожательная форма. * – p < 0.05.

В нашем исследовании было показано, что полиморфизмы rs2650427 гена GRIN2A и rs4354668 гена SLC1A2 не ассоциированы с развитием БП и не определяют форму заболевания.

Анализ распределения частоты генотипов и аллелей полиморфного локуса rs1954787 гена GRIK4 выявил снижение встречаемости аллеля С у пациентов с дрожательной формой БП (33,3%) по сравнению с группой контроля (57,9%), что говорит о его протективном эффекте (χ^2 =7,70, p=0,006; ОШ 0,36; 95% ДИ 0,17–0,76). Гомозиготный генотип ТТ (χ^2 =7,38, p=0,03; ОШ 3,40; 95% ДИ 1,21–9,53) и ал-

лель Т (χ^2 =7,70, p=0,006; ОШ 2,75; 95% ДИ 1,32–5,75) статистически значимо чаще встречаются у пациентов с БП и являются предрасполагающими к развитию дрожательной формы заболевания (табл. 3).

Следует отметить, что исследований, описывающих вклад в развитие БП полиморфизма rs1954787 гена GRIK4 на сегодняшний день ни в отечественной, ни в зарубежной литературе не встречается. Однако ранее была показана ассоциация данного полиморфизма со снижением риска развития биполярного расстройства [19]. Другими авторами выявлена взаимосвязь полиморфизма rs1954787 гена GRIK4 с

Таблица 3. Сравнение частоты генотипов и аллелей полиморфных вариантов GRIK4 у пациентов с БП в зависимости от формы заболевания и в контрольной группе

Ген, полиморфизм,	Пациенты с БП (n, %)			Контрольная	OI		
генотип, аллель	Д	AP	АРД	группа	Д/АР	Д/АРД	АР/АРД
GRIK4 rs1954787	18 (7,2)	36 (14,3)	71 (28,3)	126 (50,2)			
CC	2 (11,1)	12 (33,3)	21 (29,6)	44 (34,9)	0,23 [0,05-1,06]	0,93 [0,43-2,04]	0,76 [0,42–1,47]
CT	8 (44,4)	18 (50,0)	33 (46,5)	58 (46,0)	0,94 [0,35–2,53]	1,17 [0,56–2,46]	1,02 [0,57-1,82]
TT	8 (44,4)	6 (16,7)	17 (23,9)	24 (19,0)	3,40* [1,21–9,53]	0,85 [0,32-2,27]	1,34 [0,66–2,70]
C	12 (33,3)	42 (58,3)	75 (52,8)	146 (57,9)	0,36* [0,17–0,76]	1,02 [0,60-1,73]	0,81 [0,54-1,23]
T	24 (66,7)	30 (41,7)	67 (47,2)	106 (42,1)	2,75* [1,32–5,75]	0,98 [0,58-1,67]	1,23 [0,81–1,86]
Примечание. К — контрольная группа.							

12 Tompondami Ipjima

эффективностью терапии антидепрессантами и обнаружено, что аллель C данного полиморфизма чаще, чем аллель Tвстречается у пациентов с депрессией, которые отвечают на лечение антидепрессантами [20]. Как известно, депрессия может наблюдаться в качестве одного из частых немоторных нарушений при БП. К тому же интересным является факт меньшей встречаемости депрессии у пациентов с преимущественно дрожательной формой БП в отличие от акинетико-ригидной [21]. Обнаруженное нами достоверное снижение частоты аллеля С полиморфизма rs1954787 гена GRIK4 у пациентов с дрожательной формой можно расценивать как еще одну попытку объяснить гетерогенность БП. Поэтому актуальным будет дальнейшее изучение влияния данного полиморфизма на механизмы депрессии при БП и возможности выявленной генетической особенности дрожательной формы БП выступать в роли защитного фактора, предотвращающего развитие у пациентов депрессии.

Выявленная в нашей работе ассоциация полиморфизма *rs 1954787* гена *GRIK4* с дрожательной формой БП может указывать на участие глутаматергической системы в генезе моторных симптомов заболевания. Поскольку дрожательная, акинетико-ригидная и смешанная (акинетико-ригидно-дрожательная) формы болезни характеризуются различными прогнозом, течением, а также реакцией на противопаркинсонические препараты, то более детальное изучение генетических особенностей БП может оказать большое влияние на выбор персонализированного подхода к терапии.

Заключение. Полученные нами результаты позволяют предполагать возможную роль полиморфного локуса rs1954787 гена GRIK4 в определении клинической формы БП. Тем не менее вопрос о функциональной значимости данного полиморфизма остается дискуссионным и объяснение возможных механизмов его влияния на развитие БП требует дальнейшего изучения на больших выборках пациентов.

ЛИТЕРАТУРА

- 1. Farrer MJ. Genetics of Parkinson disease: paradigm shifts and future prospects. Nat Rev Genet. 2006 Apr;7(4):306-18. doi:10.1038/nrg1831 2. Pringsheim T, Jette N, Frolkis A, et al. The prevalence of Parkinson's disease: A systematic review and meta-analysis. Mov Disord. 2014 Nov;29(13):1583-90. doi: 10.1002/mds.25945. Epub 2014 Jun 28. 3. Braak H, Braak E. Pathoanatomy of Parkinson's disease. J Neurol. 2000 Apr; 247 Suppl 2:II3-10. doi:10.1007/pl00007758 4. Braak H, Tredici KD. Invited Article: Nervous system pathology in sporadic Parkinson disease. Neurology. 2008 May 13; 70(20):1916-25. doi: 10.1212/01.wnl.0000312279. 49272.9f.
- 5. Braak H, Tredici KD, Rü b U, et al. Staging of brain pathology related to sporadic Parkinson's disease. *Neurobiol Aging*. 2003 Mar—Apr;24(2):197-211.. doi:10.1016/s0197-4580(02)00065-9
- Langston JW. Epidemiology versus genetics in parkinson's disease: Progress in resolving an age-old debate. *Ann Neurol*. 1998 Sep;44 (3 Suppl 1):S45-52. doi:10.1002/ana.410440707

- 7. Kitada T, Asakawa S, Hattori N, et al. Mutations in the parkin gene cause autosomal recessive juvenile parkinsonism. *Nature*. 1998 Apr 9;392(6676):605-8. doi:10.1038/33416 8. Belin AC, Westerlund M. Parkinson's disease: A genetic perspective. *FEBS J*. 2008 Apr;275(7): 1377-83. doi: 10.1111/j.1742-4658.2008.06301. x. Epub 2008 Feb 12.
- 9. Kumar KR, Djarmati-Westenberger A, Grü newald A. Genetics of Parkinson's Disease. *Semin Neurol.* 2011 Nov;31(5):433-40. doi: 10.1055/s-0031-1299782. Epub 2012 Jan 21. 10. Klein C, Westenberger A. Genetics of Parkinson's Disease. *Cold Spring Harb Perspect Med.* 2012 Jan;2(1):a008888. doi: 10.1101/csh-perspect.a008888.
- 11. Ivanova S, Loonen A, Pechlivanoglou P, et al. NMDA receptor genotypes associated with the vulnerability to develop dyskinesia. *Transl Psychiatry*. 2012 Jan 10;2:e67. doi: 10.1038/tp.2011.66.
- 12. Freitas ME, Fox SH. Nondopaminergic treatments for Parkinson's disease: current and future prospects. *Neurodegener Dis Manag.* 2016 Jun;6(3):249-68. doi: 10.2217/nmt-2016-

- 0005. Epub 2016 May 27.
- 13. Hamza TH, Hill-Burns EM, Scott WK, et al. Glutamate receptor gene GRIN2A, coffee, and Parkinson disease. *PLoS Genet*. 2014 Nov 20;10(11):e1004774. doi: 10.1371/journal.pgen. 1004774. eCollection 2014 Nov.
- 14. Loonen AJ, Ivanova SA. New insights into the mechanism of drug-induced dyskinesia. *CNS Spectr.* 2013 Feb;18(1):15-20. doi: 10.1017/s1092852912000752
- 15. Iwayama Y, Hashimoto K, Nakajima M, et al. Analysis of correlation between serum D-serine levels and functional promoter polymorphisms of GRIN2A and GRIN2B genes. *Neurosci Lett.* 2006 Feb 13;394(2):101-4. Epub 2005 Nov 2. doi:10.1016/j.neulet.2005.10.025 16. Rauen T, Kanner BI. Localization of the glutamate transporter GLT-1 in rat and macaque monkey retinae. *Neurosci Lett.* 1994 Mar 14;169(1-2):137-40. doi:10.1016/0304-3940(94)90375-1
- 17. Шток ВН, Федорова НВ. Болезнь Паркинсона. Экстрапирамидные расстройства: руководство по диагностике и лечению. Москва: Медпресс-информ; 2002.

C. 87—124. [Shtok VN, Fedorova NV. Bolezn' Parkinsona. Ekstrapiramidnye rasstroistva: Rukovodstvo po diagnostike i lecheniyu [Parkinson's disease. Extrapyramidal disorders: a Guide to diagnosis and treatment]. Moscow: Medpress-inform; 2002. P. 87—124].
18. Никитина АВ, Федорова НВ. Дофаминовый дизрегуляционный синдром при болезни Паркинсона. Неврология, нейропсихиатрия, психосоматика. 2013;5(1):42-6. [Nikitina AV, Fedorova NV. Dopamine dysregu-

lation syndrome in Parkinson's disease. Nevrologiya, neiropsikhiatriya, psikhosomatika = Neurology, Neuropsychiatry, Psychosomatics. 2013;5(1):42-6. (In Russ.)]. doi: 10.14412/2074-2711-2013-2397 19. Paddock S, Laje G, Charney D, et al. Association of GRIK4 with outcome of antidepressant treatment in the STAR*D cohort. Am J Psychiatry. 2007 Aug;164(8):1181-8. doi:10.1176/appi.ajp.2007.06111790

20. Pickard BS, Knight HM, Hamilton RS,

et al. A common variant in the 3'UTR of the GRIK4 glutamate receptor gene affects transcript abundance and protects against bipolar disorder. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 2008 Sep 30;105(39):14940-5. doi: 10.1073/pnas. 0800643105. Epub 2008 Sep 29.
21. Яхно НН, Нодель МР. Особенности депрессии при болезни Паркинсона. Доктор.ру. 2013;(5):50-4. [Yakhno NN, Nodel' MR. Features of depression in Parkinson's disease. *Doktor.ru.* 2013;(5):50-4. (In Russ.)].

Поступила 27.02.2018

Декларация о финансовых и других взаимоотношениях

Исследование не имело спонсорской поддержки. Авторы несут полную ответственность за предоставление окончательной версии рукописи в печать. Все авторы принимали участие в разработке концепции статьи и написании рукописи. Окончательная версия рукописи была одобрена всеми авторами.