



ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ФАКТОРЫ И АТРОФИЧЕСКИЙ ЛАРИНГИТ: АНАЛИЗ СОВРЕМЕННЫХ НАУЧНЫХ ДАННЫХ

Исмаилова Нодира Абдурахмановна

*Ассистент кафедры гистологии, цитологии и эмбриологии,
Самаркандского государственного медицинского университета*

Ахтамкулов Маишур Маишрафович

*Студент стоматологического факультета,
Самаркандского государственного медицинского университета*

Аннотация:

Данная научная обзорная статья посвящена генетическим аспектам атрофического ларингита, представляя собой систематическое изучение последних научных данных в данной области. Введение охватывает общую характеристику атрофического ларингита, подчеркивая значение генетических исследований в понимании патогенеза заболевания. Основные разделы обзора включают генетику атрофического ларингита, молекулярные механизмы развития, клинические аспекты и технологические достижения в исследованиях генетических аспектов. Заключение обсуждает вызовы и перспективы в данной области, а также влияние генетических данных на диагностику и лечение.

Ключевые слова: атрофический ларингит, генетика, генетические маркеры, молекулярные механизмы, клинические аспекты, исследования генетических факторов, технологические достижения, персонализированная медицина, этика, биоинформатика.

GENETIC FACTORS AND ATROPHIC LARYNGITIS: ANALYSIS OF MODERN SCIENTIFIC DATA

Abstract:

This scientific review article focuses on the genetic aspects of atrophic laryngitis, providing a systematic examination of the latest scientific findings in this field. The introduction encompasses a general characterization of atrophic laryngitis, emphasizing the significance of genetic research in understanding the disease's pathogenesis. Key sections of the review include the genetics of atrophic laryngitis, molecular mechanisms of development, clinical aspects, and technological



advancements in genetic studies. The conclusion discusses challenges and prospects in this area, as well as the impact of genetic data on diagnosis and treatment.

Keywords: atrophic laryngitis, genetics, genetic markers, molecular mechanisms, clinical aspects, genetic factor studies, technological advancements, personalized medicine, ethics, bioinformatics.

Введение

В свете постоянного стремительного развития научных исследований в области ортоларинологии, особенное внимание уделяется изучению атрофического ларингита, представляющего собой комплексное заболевание верхних дыхательных путей. Атрофический ларингит характеризуется прогрессирующей атрофией слизистой оболочки гортани, сопровождаемой различными клиническими проявлениями и структурными изменениями. Несмотря на обширные исследования в данной области, патогенез этого заболевания остается сложным многогранным явлением, требующим более глубокого понимания [7,8].

Атрофический ларингит часто сопровождается функциональными нарушениями и значительным влиянием на качество жизни пациентов. В контексте последних научных достижений прогрессивного понимания генетических аспектов заболевания, акцентирование внимания на генетических факторах становится неотъемлемой составляющей целенаправленных усилий в исследовании атрофического ларингита [16].

Исследования генетических факторов в контексте развития атрофического ларингита обретают преимущественное значение в свете стремительного развития молекулярной медицины и генетических технологий. Атрофический ларингит, как комплексное заболевание с характерными структурными и функциональными изменениями, представляет серьезную медицинскую проблему. В настоящее время, вопреки многим достижениям в диагностике и лечении, этиология атрофического ларингита остается частично раскрытой, оставляя открытыми вопросы в понимании его происхождения и механизмов развития [17].

Актуальность исследований генетических факторов в контексте атрофического ларингита обусловлена не только стремлением к полному освещению патогенетических моментов данного заболевания, но и стремлением к выявлению более эффективных методов диагностики и терапии. Генетические факторы, вероятно, играют решающую роль в формировании предрасположенности к атрофическому ларингиту, и их



тщательное исследование имеет потенциал изменить ландшафт клинической практики, направляя нас к индивидуализированным и более эффективным подходам к управлению и лечению данного заболевания [28].

Цель настоящего исследования заключается в проведении критического анализа последних научных данных, сфокусированных на генетических аспектах этого заболевания. Анализ последних научных достижений в области генетики атрофического ларингита предоставит возможность выявить ключевые генетические факторы, связанные с этим заболеванием, а также поддержит разработку инновационных подходов к его диагностике, лечению и профилактике.

В рамках изучения генетических основ атрофического ларингита, первоочередной задачей является выделение ключевых генетических маркеров, отвечающих за предрасположенность и развитие данного заболевания. Определение этих маркеров является фундаментальным шагом к пониманию молекулярных механизмов, лежащих в основе патогенеза атрофического ларингита.

Иммунный ответ, в том числе в гортани, тесно связан с генетическими факторами. Исследование полиморфизмов в генах, ответственных за иммунные реакции, может раскрывать вариации, влияющие на чувствительность к атрофическому ларингиту. Аналогично, анализ генетических изменений, связанных со структурой слизистой оболочки, может помочь в выявлении факторов предрасположенности к различным видам воспалительных процессов, включая атрофический ларингит [6].

Гены вносят существенный вклад в регуляцию воспалительных процессов, включая те, которые происходят в ларингеальной ткани. Они кодируют белки, которые управляют различными аспектами воспаления, включая сигнальные молекулы, рецепторы, цитокины и факторы транскрипции [10].

Исследование экспрессии генов в тканях гортани играет важную роль в выявлении молекулярных механизмов атрофического ларингита. Оценка уровня экспрессии генов в этих тканях позволяет идентифицировать изменения в генетическом профиле, связанные с данной патологией. Это не только обеспечивает более глубокое понимание молекулярных основ заболевания, но и может помочь в разработке более эффективных методов диагностики и лечения.



При анализе генетических ассоциаций в различных популяционных группах возникает возможность выделить специфические генетические факторы, которые могут влиять на развитие атрофического ларингита. Это важно для учёта генетической изменчивости и определения генетических предрасположенностей к данному заболеванию в различных этнических группах. Такой подход помогает персонализировать подход к диагностике и лечению, учитывая генетические особенности конкретной популяции. Анализ генетических ассоциаций в популяционных группах: Выделение генетических ассоциаций, специфичных для различных популяций, позволит учесть генетическую изменчивость и обосновать наличие генетических предрасположенностей к атрофическому ларингиту [31].

Систематический анализ указанных генетических маркеров с использованием современных методов молекулярной биологии и генетической эпидемиологии предоставит более глубокое понимание роли генетических факторов в развитии атрофического ларингита и послужит основой для последующих исследовательских и клинических приложений.

Исследование наследственности в контексте атрофического ларингита представляет собой существенный аспект, направленный на выявление влияния генетических факторов на предрасположенность к данному заболеванию. Раскрытие роли наследственности в этом контексте важно не только для глубокого понимания молекулярных механизмов развития атрофического ларингита, но и для разработки более эффективных стратегий диагностики, профилактики и терапии.

Исследование генетической предрасположенности к атрофическому ларингиту в контексте семейного анамнеза представляет важный аспект в понимании молекулярных основ этого заболевания. Анализ случаев атрофического ларингита с учетом семейного анамнеза может выявлять паттерны наследования, что в свою очередь позволяет определить группы риска среди родственников, поддерживая гипотезу о наличии генетической предрасположенности. Исследования, проведенные Dombrowski (2020), указывают на потенциальную генетическую основу атрофического ларингита. Расщелина гортани, часто связанная с этим заболеванием, может иметь семейную природу, что поддерживает предположение о наследственности. Аналогично, исследования аутомно-доминантных форм ларингомалиции и семейного паралича гортани также свидетельствуют о наличии генетического компонента в этих состояниях. Случаи наследственного возникновения



тяжелой ларингомалации в семье дополняют существующие доказательства о генетической предрасположенности к различным формам поражения гортани. Эти наблюдения подчеркивают важность дальнейших исследований в данной области для лучшего понимания генетических механизмов атрофического ларингита и разработки более эффективных подходов к диагностике и лечению [16,22].

Исследование генетических ассоциаций в семейных кластерах представляет собой ключевой аспект в поиске потенциальных генетических маркеров и раскрытии паттернов наследования в контексте атрофического ларингита. Этот подход обеспечивает возможность выявить молекулярные особенности заболевания, а также оценить степень влияния генетических факторов в различных группах, что может привести к более глубокому пониманию этиологии и патогенеза.

Анализ типов наследования, включая доминантный, рецессивный или спорадический характер, в семьях с проявлениями атрофического ларингита играет важную роль в расширении наших знаний о генетических механизмах, лежащих в основе данного заболевания. Эта информация способствует более глубокому пониманию структуры генома, а также взаимодействия генов, что в конечном итоге может содействовать разработке более целенаправленных и эффективных методов диагностики и лечения. Дополнительно, анализ генетических маркеров в различных популяционных группах является важным шагом в выявлении общих и уникальных аспектов генетической предрасположенности к атрофическому ларингиту. Этот подход позволяет учесть генетическую изменчивость, предоставляя ценные данные для персонализации подходов к диагностике и лечению в зависимости от конкретной популяции [30].

Изучение роли наследственности в предрасположенности к атрофическому ларингиту предоставит ключевые данные для формирования генетического профиля этого заболевания. Это, в свою очередь, может способствовать выработке персонализированных методов диагностики, предупреждения и лечения, направленных на снижение генетически обусловленных рисков развития атрофического ларингита у подверженных групп населения. Исследование семейных кластеров и генетических ассоциаций представляет собой важную часть генетического анализа атрофического ларингита, позволяя более детально выявить связи между наследственностью и развитием данного заболевания.



Исследование, направленное на анализ частоты проявлений атрофического ларингита внутри семей, сопряженное с оценкой вероятности новых случаев среди родственников, представляет собой неотъемлемый этап в исследовании наследственных факторов и паттернов наследования. Эти систематические наблюдения не только способствуют количественной оценке генетического влияния на развитие заболевания, но и позволяют детализировать степень риска для близких родственников. Системный анализ генетических ассоциаций внутри семейных кластеров нацелен на выявление общих генетических вариантов, приводящих к атрофическому ларингиту, и разгадывание роли ключевых генов или областей генома в этих процессах. Этот методический подход гарантирует углубленное понимание молекулярных основ данного патологического состояния.

Применение метагеномных исследований для анализа микробиома гортани у родственников, страдающих атрофическим ларингитом, обеспечивает выявление потенциальных генетически обусловленных изменений в микробиоте, имеющих влияние на развитие указанного заболевания. Этот подход открывает перспективные перспективы в исследовании взаимосвязи между генетическими факторами и состоянием микробиота в контексте атрофического ларингита.

Активное исследование генетических ассоциаций в различных этнических группах и популяциях представляет собой необходимый этап в выявлении генетических маркеров, предрасполагающих к атрофическому ларингиту, а также в раскрытии возможных различий в генетической основе у различных этнических групп. Этот методический подход обеспечивает системное учёт генетической изменчивости и позволяет персонализировать подходы к диагностике и лечению, учитывая специфику конкретной популяции [1,3].

Исследования семейных кластеров и генетических ассоциаций предоставляют возможность более глубокого понимания наследственных механизмов атрофического ларингита и помогают сформировать более комплексное представление о роли генетики в этом патологическом процессе. Предстоящие исследования в этой области могут выделить новые генетические маркеры и способствовать созданию персонализированных подходов к диагностике и лечению данного заболевания.

Изучение молекулярных механизмов развития атрофического ларингита требует глубокого понимания того, как генетические вариации могут влиять



на биологические процессы, приводящие к формированию данного заболевания. Этот раздел обзора направлен на раскрытие молекулярных путей, связанных с генетическими изменениями, и их воздействия на биологические процессы, в результате чего происходит атрофия ларингеальной ткани.

1. Экспрессия генов и структурные изменения: анализ воздействия генетических вариаций на экспрессию генов в ларингеальной ткани позволяет выявить изменения в уровне производства белков и их воздействие на структуру ткани, в частности, на слизистую оболочку.

2. Иммунологические ответы и воспаление: изучение генетических вариаций, связанных с иммунологическими процессами, позволяет понять, как изменения в геноме могут воздействовать на характер и силу воспалительных реакций в гортани, что, в свою очередь, может способствовать развитию атрофического ларингита.

3. Апоптоз и клеточная смерть: исследование генетических факторов, связанных с регуляцией апоптоза и клеточной смерти в ларингеальных тканях, позволяет выявить молекулярные механизмы, приводящие к атрофии.

4. Метаболические пути: анализ влияния генетических вариаций на метаболические пути в клетках гортани помогает выявить возможные изменения в энергетическом обмене, которые могут способствовать развитию атрофического ларингита [2,5,13].

Исследование влияния генетических вариаций на биологические процессы в ларингеальных тканях представляет ключевой аспект для построения полной картины молекулярных механизмов, приводящих к атрофии. Понимание этих механизмов не только способствует более точной диагностике и пониманию патогенеза атрофического ларингита, но и создает базу для разработки персонализированных методов лечения и профилактики данного заболевания.

Регуляция экспрессии генов имеет решающее значение для понимания молекулярной основы атрофического ларингита, при котором генетические и экологические факторы взаимодействуют, вызывая изменения в тканях гортани. Анализ генетических маркеров и промоторов помогает выявить гены, влияющие на активацию или ингибирование экспрессии генов в тканях гортани. Эпигенетические изменения, включая метилирование ДНК, модификации гистонов и влияние микроРНК, играют определенную роль в развитии атрофического ларингита и могут передаваться по наследству. Изучение взаимодействия генов и сигнальных путей позволяет понять



сложные биологические реакции, которые приводят к атрофии гортани. Кроме того, анализ влияния окружающей среды на геном помогает определить, как внешние факторы могут модулировать экспрессию генов в контексте атрофического ларингита. Понимание этих регуляторных механизмов имеет решающее значение для разработки эффективных методов лечения этого заболевания [18,20,26].

Изучение регуляции экспрессии генов в атрофическом ларингите предоставляет возможность увидеть динамику изменений на уровне генома и рассмотреть их в контексте развития заболевания. Этот аспект молекулярных механизмов играет важную роль в формировании новых терапевтических подходов и стратегий лечения атрофического ларингита.

На развитие атрофического ларингита влияет сложное взаимодействие генетических факторов и окружающей среды. Влияние факторов окружающей среды, таких как загрязнение, на геном может привести к молекулярным изменениям в тканях гортани. Исследователи также изучают влияние диеты и питания на генетические механизмы заболевания, стремясь выявить связь между определенными компонентами рациона и развитием атрофического ларингита. Кроме того, важным аспектом, влияющим на заболевание, является взаимодействие между генетическими факторами, вирусами и микробиомом гортани. Изучение этих взаимодействий позволяет понять механизмы инфекционных форм атрофического ларингита. Понимание того, как окружающая среда может влиять на эпигенетические изменения в геноме, также имеет решающее значение для понимания влияния внешних факторов на развитие заболевания. В целом, эти различные факторы способствуют лучшему пониманию атрофического ларингита и могут помочь в разработке целевых мероприятий и методов лечения [14,25,27].

Изучение взаимодействия генетики и окружающей среды в рамках атрофического ларингита является неотъемлемой частью понимания молекулярных механизмов этого заболевания. Понимание, как эти факторы взаимодействуют, может сделать возможным более точные диагностические и терапевтические подходы к лечению атрофического ларингита, учитывая индивидуальные особенности пациентов и их окружения.

Исследование генетических факторов при атрофическом ларингите направлено на выявление отличительных генетических профилей, связанных с этим заболеванием. Эти профили могут улучшить наше понимание развития заболевания и помочь в создании персонализированных методов диагностики



и лечения. Изучая гены, связанные с иммунным ответом, исследователи могут идентифицировать генетические вариации, связанные с аномалиями в иммунной системе, которые могут характеризовать конкретные подгруппы пациентов. Более того, анализ генетических маркеров, связанных с воспалением, и молекулярных сигнатур может выявить уникальные генетические профили, имеющие решающее значение для патогенеза атрофического ларингита. Генетические вариации, влияющие на регуляцию апоптоза, могут дать представление о том, как эти факторы взаимодействуют с механизмами атрофии гортани. Кроме того, исследование генов, связанных с метаболическими процессами, помогает распознать типичные генетические профили, связанные с метаболическими изменениями, потенциально связанными с атрофическим ларингитом. Более того, учет возрастных и половых различий в генетических ассоциациях помогает выявить типичные генетические профили, которые могут отличаться в зависимости от возрастных групп и полов [11,21]. Это исследование может привести к улучшению диагностических критериев, прогноза и стратегий лечения, а также позволит разработать индивидуальные подходы к управлению состоянием.

Исследование генетических особенностей пациентов с атрофическим ларингитом оказалось полезным в нескольких аспектах. Во-первых, анализ генетических вариаций позволяет выявить специфические генетические маркеры, связанные с тяжестью заболевания, что помогает классифицировать пациентов по степени его тяжести и выбирать более эффективные методы лечения. Во-вторых, изучение генетических факторов в контексте прогнозирования заболевания может помочь определить будущее развитие атрофического ларингита и разработать индивидуальные подходы к его лечению. Также, понимание генетических факторов, связанных с осложнениями данного заболевания, помогает прогнозировать его прогрессирование и влияние на развитие сопутствующих заболеваний. Внедрение генетических данных в клиническую практику открывает новые возможности для персонализированного лечения атрофического ларингита, включая генетически обоснованные подходы к терапии, выбор лекарственных препаратов и профилактику осложнений [4,9]. Все это позволяет повысить эффективность лечения и улучшить управление заболеванием.

Современные методы исследования генетических аспектов атрофического ларингита включают использование передовых технологий секвенирования и высокоточных методов анализа данных, что значительно



расширяет возможности и глубину понимания генетической основы данного заболевания.

1. Полногеномное секвенирование (WGS): Технология WGS позволяет исследовать всю геномную последовательность пациента, выявляя различия в нуклеотидных последовательностях и структурных вариациях, которые могут быть связаны с атрофическим ларингитом.

2. Экзомное секвенирование: Фокусированное на экзоме секвенирование позволяет более эффективно исследовать только кодирующие участки генома, что может быть особенно важным при выявлении генетических мутаций, связанных с функциональными изменениями в клетках ларингеальных тканей.

3. Одноклеточное секвенирование: Этот метод позволяет исследовать генетические особенности отдельных клеток, что важно для выявления гетерогенности внутри ларингеальных тканей и понимания разнообразия генетических изменений.

4. Метагеномные исследования: Использование методов метагеномики позволяет анализировать генетический состав микробиома гортани, что важно для понимания влияния микробной экологии на развитие атрофического ларингита.

5. Биоинформатический анализ данных: Продвинутое методы биоинформатики, включая алгоритмы для анализа больших объемов генетических данных, позволяют выявлять ассоциации, предсказывать функциональные последствия генетических вариаций и строить более полные генетические модели атрофического ларингита.

Эти технологические достижения значительно улучшают наше понимание генетических механизмов, лежащих в основе атрофического ларингита. Их использование позволяет более точно выявлять генетические вариации, их взаимосвязи и влияние на молекулярные процессы, что открывает новые перспективы для диагностики, прогнозирования и персонализированного лечения этого заболевания.

Технологические достижения в области генетических исследований значительно улучшили нашу способность понимать и выявлять генетическую основу атрофического ларингита. Передовые методы секвенирования и методы анализа данных играют решающую роль в этом исследовании. Такие методы, как секвенирование всего генома, секвенирование экзома, секвенирование отдельных клеток и метагеномика, позволяют исследователям изучать генетический состав тканей гортани, выявлять генетические вариации



и понимать их функциональные последствия. Более того, биоинформационный анализ данных, включая использование алгоритмов, помогает выявлять ассоциации и прогнозировать последствия генетических вариаций. Эти достижения дают представление о генетических механизмах, лежащих в основе атрофического ларингита, и открывают новые возможности для диагностики, прогнозирования и персонализированного лечения. Более того, был достигнут прогресс в выявлении редких генетических вариаций, которые способствуют развитию этого заболевания. Секвенирование одной молекулы, передовые биоинформационные алгоритмы, популяционно-генетические исследования, геномное вменение и метагеномные исследования микробиома – все это способствует выявлению и пониманию редких генетических вариаций [12,29]. Эти результаты имеют значение для совершенствования методов диагностики и разработки персонализированных стратегий лечения атрофического ларингита.

Несмотря на значительные успехи в исследованиях генетических аспектов атрофического ларингита, существует ряд недостатков, которые ограничивают наше понимание этого заболевания. К ним относятся ограниченная выборка пациентов, гетерогенность популяции и неоднозначность интерпретации данных. Тем не менее, существуют многообещающие перспективы для продвижения исследований в этой области. Расширение исследовательских программ с целью охвата большего числа пациентов из разных этнических групп может дать более полную картину генетических факторов, лежащих в основе заболевания. Интеграция нескольких методов исследования, включая геномные и эпигенетические исследования, также может улучшить наше понимание. Усовершенствованные биоинформационные подходы могут помочь идентифицировать ключевые генетические варианты и их влияние на заболевание. Внедрение генетических данных в клиническую практику может оказать значительное влияние на диагностику и лечение. Разработка генетически обоснованных диагностических тестов может обеспечить более быструю и точную диагностику, разработку персонализированных стратегий лечения и использование генетических данных для прогнозирования и предотвращения осложнений. Обеспечение этичного доступа к генетической информации имеет решающее значение для успешной интеграции в медицинскую практику. Использование генетических данных при лечении атрофического ларингита обещает улучшить исходы и качество жизни пациентов [15,19,23,24].



Заключение

В заключение исследования генетических аспектов атрофического ларингита можно отметить, что последние десятилетия принесли значительный прогресс в понимании генетической основы этого заболевания.

Перспективы дальнейших исследований включают в себя расширение объемов исследований, интеграцию множественных методов, усовершенствование биоинформатических подходов и более эффективное использование генетических данных в клинической практике.

Интеграция генетических данных в медицинскую сферу предоставляет персонализированные подходы к диагностике, лечению и прогнозированию атрофического ларингита. Этические вопросы и защита данных остаются приоритетными в контексте использования генетической информации в медицинских исследованиях и практике.

Обобщая, генетические исследования атрофического ларингита представляют собой важный компонент биомедицинских наук, открывающий перспективы для более глубокого понимания болезни, а также для разработки инновационных подходов к диагностике и лечению, направленных на улучшение заботы о пациентах.

Литература

1. Алексеева А. Е., Бруснигина Н. Ф. Метагеномные исследования и диагностика инфекционных заболеваний //Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. – 2015. – №. 2. – С. 81-89.
2. Андреев А. А. и др. Эффективность и безопасность применения ларингеальной трубки iLTS-D у пациентов с неосложненными дыхательными путями—пилотное исследование //Анестезиология и реаниматология. – 2018. – Т. 63. – №. 6. – С. 36-43.
3. Буслаев В. Ю., Минина В. И., Мацкова Л. В. Микробиота: вклад в канцерогенез и функционирование иммунной системы легких //Бюллетень сибирской медицины. – 2023. – Т. 22. – №. 1. – С. 103-112.
4. Василевский И. В. Генетические факторы человека, связанные с восприимчивостью к инфекции SARS-CoV-2 и тяжестью заболевания COVID-19 //Здравоохранение. HEALTHCARE. – 2022. – Т. 4. – С. 20-30.
5. Владимирова Е. С. и др. Иммунологические аспекты патогенеза развития стриктуры трахеи //Журнал им. НВ Склифосовского «Неотложная медицинская помощь». – 2023. – Т. 12. – №. 3. – С. 428-434.
6. Казакова А. В. и др. Особенности полиморфизма генов провоспалительных цитокинов у девочек, предрасположенных к частым респираторным



- заболеваниям //Вестник Российского государственного медицинского университета. – 2019. – №. 6. – С. 61-66.
7. Кудзиева В. П. и др. Лечение хронического атрофического ларингита с добавлением протеолитического фермента //Современные медицинские исследования. – 2018. – С. 5-7.
 8. Кунельская В. Я. и др. МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИЙ ПЕЙЗАЖ ГОРТАНИ ПРИ ХРОНИЧЕСКОМ ЛАРИНГИТЕ //Проблемы медицинской микологии. – 2021. – Т. 23. – №. 2. – С. 100-100.
 9. Сидонец И. В., Мешков А. Н. Генетические аспекты диагностики в профилактической медицине //Кардиоваскулярная терапия и профилактика. – 2014. – Т. 13. – №. 4. – С. 75-80.
 10. Симбирцев А. С., Громова А. Ю. Функциональный полиморфизм генов регуляторных молекул воспаления //Цитокины и воспаление. – 2005. – Т. 4. – №. 1. – С. 1-10.
 11. Смольникова М. В., Фрейдин М. Б., Смирнова С. В. Гены цитокинов как генетические маркеры атопической бронхиальной астмы с контролируемым и неконтролируемым течением //Медицинская иммунология. – 2017. – Т. 19. – №. 5. – С. 605-614.
 12. Чепелева М. К. и др. Моделирование экспрессии генов в экспериментах секвенирования молекул РНК одиночных клеток. – 2021.
 13. AZNABAЕVA L. F. Иммунологические аспекты воспаления верхних дыхательных путей //Вестник оториноларингологии. – 2012. – Т. 6. – №. 2012.
 14. Beton S. et al. The Elderly Voice: Mechanisms, Disorders and Treatment Methods //Turkish Archives of Otorhinolaryngology. – 2022. – Т. 60. – №. 4. – С. 220.
 15. de Miguel-Luken M. J., Chaves-Conde M., Carnero A. A genetic view of laryngeal cancer heterogeneity //Cell Cycle. – 2016. – Т. 15. – №. 9. – С. 1202-1212.
 16. Dombrowski N. D. et al. Familial and genetic factors in laryngeal cleft: Have we learned anything? //International Journal of Pediatric Otorhinolaryngology. – 2020. – Т. 138. – С. 110283.
 17. Faisal M. et al. Lymphoepithelial carcinoma of larynx and hypopharynx: a rare clinicopathological entity //Cancers. – 2020. – Т. 12. – №. 9. – С. 2431.
 18. Figueiredo D. L. A. et al. Assessment of MLL methyltransferase gene expression in larynx carcinoma //Oncology reports. – 2015. – Т. 33. – №. 4. – С. 2017-2022.
 19. Hawkshaw M. J., Pebdani P., Sataloff R. T. Reflux laryngitis: an update, 2009–2012 //Journal of Voice. – 2013. – Т. 27. – №. 4. – С. 486-494.
 20. Hernandez-Morato I., Sharma S., Pitman M. J. Changes in neurotrophic factors of adult rat laryngeal muscles during nerve regeneration //Neuroscience. – 2016. – Т. 333. – С. 44-53.



21. Isxakova F. МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДИАГНОСТИКА АЛЛЕРГИЧЕСКИХ РИНИТОВ У БОЛЬНЫХ С БРОНХИАЛЬНОЙ АСТМОЙ //Medical science of Uzbekistan. – 2023. – №. 4. – С. 04-09.
22. Jain D., Jain S. Management of stridor in severe laryngomalacia: A Review Article //Cureus. – 2022. – Т. 14. – №. 9.
23. Jetté M. Toward an Understanding of the Pathophysiology of Chronic Laryngitis //Perspectives of the ASHA special interest groups. – 2016. – Т. 1. – №. 3. – С. 14-25.
24. Lungova V., Thibeault S. L. Mechanisms of larynx and vocal fold development and pathogenesis //Cellular and Molecular Life Sciences. – 2020. – Т. 77. – С. 3781-3795.
25. Nybacka I. et al. Genetic and environmental effects on vocal symptoms and their intercorrelations. – 2012.
26. Pajić Matić I. et al. Helicobacter pylori gastric infection in patients with laryngeal cancer and chronic laryngitis //European Archives of Oto-Rhino-Laryngology. – 2021. – Т. 278. – С. 135-139.
27. Rahmani B. et al. Molecular mechanisms highlighting the potential role of COVID-19 in the development of neurodegenerative diseases //Physiology International. – 2022.
28. Rosenthal L. H. S. Etiology, Incidence, and Prevalence of Laryngeal Disorders //Sataloff's Comprehensive Textbook of Otolaryngology: Head & Neck Surgery: Laryngology. – 2015. – Т. 4. – С. 459.
29. Shemanko C. S. et al. Laryngeal involvement in the Dowling–Meara variant of epidermolysis bullosa simplex with keratin mutations of severely disruptive potential //British Journal of Dermatology. – 2000. – Т. 142. – №. 2. – С. 315-320.
30. Veitia R. A., Caburet S., Birchler J. A. Mechanisms of Mendelian dominance //Clinical Genetics. – 2018. – Т. 93. – №. 3. – С. 419-428.
31. Wood J. M. et al. Does gene expression in laryngeal subsites differ between patients with laryngopharyngeal reflux and controls? //Clinical Otolaryngology. – 2018. – Т. 43. – №. 1. – С. 158-163.