

[https://doi.org/10.30702/ujcvs/24.32\(03\)/ZhH053-2327](https://doi.org/10.30702/ujcvs/24.32(03)/ZhH053-2327)  
УДК 616.12-005.4:636.082.21-071

Журба О. О.<sup>1</sup>, канд. мед. наук, завідувач відділення серцево-судинної хірургії, <https://orcid.org/0009-0008-4248-7036>

Гінгуляк О. М.<sup>2</sup>, канд. мед. наук, доцент кафедри внутрішньої медицини, фізичної реабілітації та спортивної медицини, <https://orcid.org/0000-0003-2638-0139>

<sup>1</sup>КНП «Черкаський обласний кардіологічний центр Черкаської обласної ради», м. Черкаси, Україна

<sup>2</sup>Буковинський державний медичний університет, м. Чернівці, Україна

## Клініко-генеалогічне дослідження як метод прогнозування розвитку передчасної ішемічної хвороби серця

### Резюме

**Мета** – визначити роль спадкового фактору в ризику розвитку передчасної ішемічної хвороби серця на основі проведення клініко-генеалогічного аналізу родоводів.

**Матеріали та методи.** У дослідження увійшли пацієнти з ішемічною хворобою серця. Загальна кількість вибірки становила 286 осіб, середній вік пацієнтів досягав  $58,8 \pm 2,9$  року. Матеріалом для аналізу стали дані клініко-генеалогічного дослідження, яке включало збір даних від пробанда про кількість родичів зі вказівкою спорідненості. На основі отриманих даних склали родоводи та проводили розрахунок коефіцієнта родинної агрегації. Порівняльний аналіз виконано між досліджуваною ( $n = 108$ , віковий діапазон 25–44 роки) і контрольною ( $n = 178$ , віковий діапазон 75–90 років) групами.

**Результати.** У результаті аналізу родоводів встановлено, що у пацієнтів, які мали передчасну ішемічну хворобу серця, що розвинулася у віковому проміжку 25–40 років відбулася родинна агрегація хвороб системи кровообігу, про що свідчить визначена частота спадкової обтяженості родинного анамнезу щодо хвороб системи кровообігу – 50,9 %. При порівнянні з відповідною частотою в групі пацієнтів старечого віку визначена частота родинної обтяженості становила 24,2 % і була достовірно нижчою за частоту серед пацієнтів молодого віку,  $p = 0,0001$ ;  $\chi^2 = 33,12$ . Розрахований коефіцієнт родинної агрегації досягав 2,1, що вказує на вірогідність ризику передчасної ішемічної хвороби серця, яка у 2 рази вища в родинах з обтяжливим родинним анамнезом щодо хвороб системи кровообігу. Аналіз обтяженості анамнезу щодо хвороб системи кровообігу за ступенем спорідненості з пробандом встановив, що у пацієнтів обох груп обтяжений анамнез прослідковувався з найвищою частотою у родичів I ступеня спорідненості: 86,2 % у досліджуваній та 83,3 % у контрольній групах.

**Висновки.** З'ясовано, що в родинах з обтяжливим родинним анамнезом щодо хвороб системи кровообігу ризик розвитку передчасної ішемічної хвороби серця у 2 рази вищий, про що свідчить розрахований коефіцієнт родинної агрегації – 2,1;  $p = 0,0001$ ;  $\chi^2 = 33,12$ . Встановлено, що в обох групах дослідження домінувала обтяженість родинного анамнезу щодо хвороб системи кровообігу переважно серед родичів I ступеня спорідненості.

**Ключові слова:** спадкова обтяженість, родинна агрегація, вікова класифікація ВООЗ, хвороби системи кровообігу, ступінь спорідненості.

**Вступ.** Клініко-генеалогічне дослідження – це один з методів вивчення успадкування ознак, який ґрунтується на аналізі родоводів. Метод аналізу родоводів запропонував застосовувати англійський дослідник Френсіс Гальтон на початку ХХ ст., коли з'ясувалося, що за допомогою ретельного аналізу родоводів можна

з успіхом замінити гібридологічний метод [1,2]. Клініко-генеалогічний метод реалізується шляхом складання родоводу родини, у складі якої наявні хворі особи зі спадковою хворобою за припущенням. Точність генеалогічного аналізу обмежена такими чинниками: невеликою кількістю дітей у родинах, недостатнім обсягом знань щодо історії походження своєї родини та наявності спадкових захворювань у найближчих родичів, експресивністю та пенетрантністю генів [3]. Завдяки аналізу родоводів з'ясовують предків батьків та їх родичів; описують стан їх здоров'я. Розповідачем

родоводу є пробанд – це перша особа, в родоводі у якої встановлена ознака/хвороба, що вивчається.

У загальному масштабі хвороби системи кровообігу (ХСК) залишаються одними з найбільших факторів смертності. Гіпертонічна хвороба (ГХ), ішемічна хвороба серця (ІХС) та їх ускладнення – інфаркт міокарда, цереброваскулярні хвороби, зокрема мозкові інсульти, є основними причинами смертності та інвалідності населення в усьому світі. У структурі поширеності ХСК на першому місці відзначають ГХ (47,2 %), на другому – ІХС (34,5 %), на третьому – цереброваскулярну патологію (11,7 %). Епідемія ХСК швидко поширюється в країнах з низьким і середнім рівнем доходу [4,5,6]. ІХС є основною складовою ХСК в Україні, на яку припадає близько 2/3 загального тягаря ХСК. Смертність в Україні від ХСК зростає за останні 30 років майже на 8 % (від 56,5 % у 1990 році до 64,3 % у 2022 році) [7,8,9]. Причому в деяких наукових повідомленнях йдеться, що останнім часом ІХС уражує працездатні вікові групи, а молоді люди страждають непропорційно частіше порівняно з країнами з високим рівнем доходу [4,10].

Родинний анамнез ХСК є важливим фактором ризику розвитку майбутньої ІХС [11], однак включення родинної історії ХСК у традиційне оцінювання ризику не покращило прогнозування розвитку цієї групи хвороб, а саме ІХС. Проте були зроблені припущення, що родинна історія наявності ХСК тісно пов'язана з розвитком передчасних явищ ІХС. На сьогодні лише кілька шкал прогнозування ризику, зокрема QRISK2, JBS3 та Reynolds [4], використовують сімейну історію ХСК з метою оцінювання майбутнього ризику ІХС. Оскільки під час оцінювання ризику розглядають такі складові: вік – як важливий фактор ризику ІХС, ризик, пов'язаний із передчасною ІХС у родинному анамнезі.

Родинний анамнез є важливою складовою історії здоров'я будь-якого пацієнта, він може вказувати на спільну родинну поведінку, оточення та генетичну спадщину певної сім'ї. Хоча детальний родинний анамнез, який має включати кількість родичів, їх вік та стать, часом досить складно отримати під час клінічного візиту пробанда. Крім того, роль родинного анамнезу в передчасній ІХС не вивчається детально за умови, якщо респондент проживає у країнах з низьким і середнім рівнем доходу, зазначене відбувається через недооцінювання таких зусиль зі збору даних. В ідеалі профілактика ХСК має починатися в молодому віці, щоб обмежити кумулятивний вплив умов ризику розвитку протягом життя та встигнути досягти глобального зниження ризику. Однак було б важко охопити всіх у моделях чи програмі профілактики ІХС. Стратифікація ризику на основі відносно простих і дешевих інструментів вимірювання у змозі допомогти визначити підгрупи

високого ризику для інтенсивного зниження ризику розвитку в них ХСК. Сімейний анамнез ХСК часто демонструє вплив спільної сімейної поведінки, харчових звичок, куріння, вживання алкоголю, фізичну активність, спосіб відпочинку та оточення протягом усього життя [12]. Хоча родинний анамнез є сталим фактором ризику, але за наявності чітких правдивих відомостей, наданих пробандом, можна суттєво зменшити загальний ризик ІХС серед осіб із «сильно» обтяженим родинним анамнезом щодо захворюваності на ІХС шляхом зміни впливу тригерних факторів на розвиток ХСК у молодому віці [13]. Ми провели це дослідження, щоб оцінити силу незалежного зв'язку між детальною родинною історією наявності ХСК та розвитком передчасної ІХС серед пацієнтів європейської раси.

Таким чином, вищезазначене доводить важливість вивчення обтяженого родинного анамнезу на ХСК у підгрупі пацієнтів із передчасною ІХС.

**Мета** – встановити роль спадкового фактору в ризику розвитку передчасної ІХС на основі проведення клініко-генеалогічного аналізу родоводів.

**Матеріали та методи.** У дослідження увійшли пацієнти з ІХС, яким виконано коронарне шунтування на працюючому серці за період 2015–2021 рр. на базі ДУ «Національний інститут серцево-судинної хірургії імені М. М. Амосова НАМН України» та КНП «Черкаський обласний кардіологічний центр Черкаської обласної ради». Загальна кількість вибірки становила  $n = 286$  осіб, у дослідження увійшли особи як чоловічої, так і жіночої статі. Середній вік пацієнтів цієї вибірки сягав  $58,8 \pm 2,9$  року, середній вік пацієнтів досліджуваної групи –  $40,5 \pm 4,7$  року, а учасників контрольної групи –  $77,1 \pm 2,2$  року.

Матеріалом для аналізу стали дані з первинної облікової медичної документації: історія хвороби, анамнестичні дані, дані виписок з амбулаторної карти пацієнта. Дизайн дослідження побудований залежно від вікової групи пацієнта відповідно до вікової класифікації Всесвітньої організації охорони здоров'я (ВООЗ) та гендерної ознаки пацієнта.

Дизайн дослідження побудований відповідно до наявності обтяженості родинного анамнезу щодо ХСК. Для проведення порівняльного аналізу були сформовані групи: досліджувана ( $n = 108$ ) і контрольна ( $n = 178$ ). До досліджуваної групи увійшли пацієнти з ІХС молодого віку (25–44 роки) відповідно до класифікації ВООЗ, до контрольної групи – хворі з ІХС старечого віку (75–90 років).

Було проведено клініко-генеалогічне дослідження 286 пацієнтів, яке включало збір даних від пробанда про кількість родичів I, II та III ступеня спорідненості, їх хвороби, причини смерті, тривалість життя тощо. На основі отриманих даних склали родоводи. У подальшому проводили розрахунок кое-

фіцієнта родинної агрегації (англ. FA, family aggregation) за формулою 1.

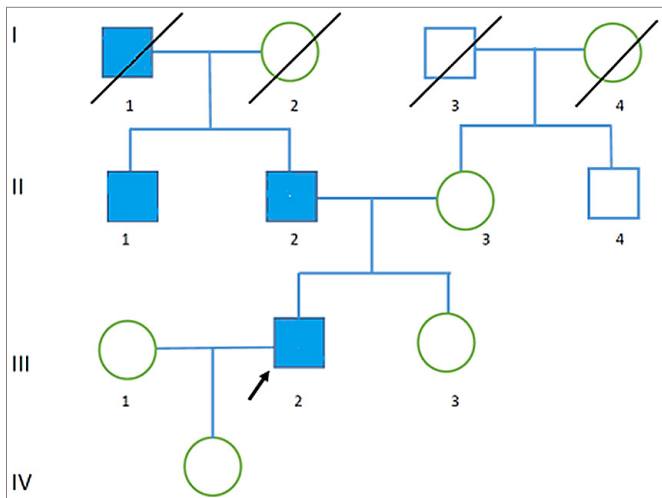
$$FA = \frac{\text{Частота розподілу родинних випадків ХСК у пацієнтів з передчасною ІХС (молодого віку 25–40 років)}}{\text{Частота розподілу родинних випадків ХСК у контрольній групі (пацієнти з ІХС старечого віку 75–90 років)}} \quad (1)$$

Дослідження виконано з дотриманням основних етичних принципів проведення наукових медичних досліджень за участю людини. Пацієнти брали участь у дослідженні за власним бажанням, про що свідчить їх особистий підпис в інформованій згоді пацієнта на участь у дослідженні. Кожен пацієнт особисто був інформований щодо обов'язків і прав та можливості завершити дослідження в будь-який момент за його бажанням, без будь-яких наслідків та пояснення причин своїх дій.

Статистичний аналіз достовірності відмінностей проводили між групами дослідження при рівні значущості 0,05, визначали за критерієм  $\chi^2$  з поправкою Йетса.

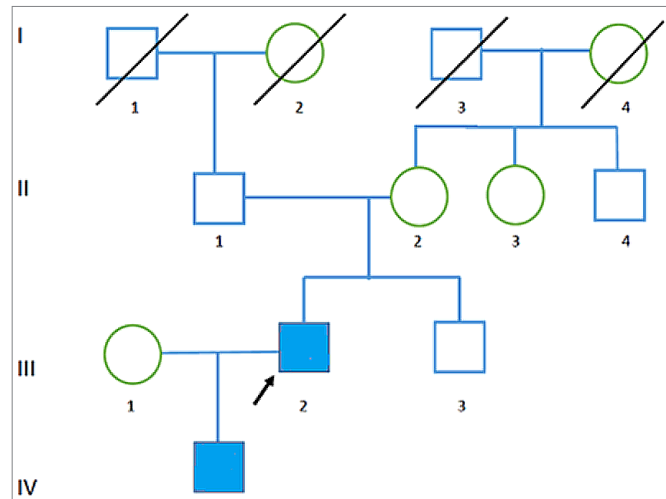
**Результати.** У дослідженні під час клініко-генеалогічного обстеження для кожного пацієнта з ІХС було складено родовід, що дало змогу в подальшому відібрати осіб, серед членів родини яких були особи з обтяженим родинним анамнезом щодо ХСК (рисунки 1, 2).

Під час проведення клініко-генеалогічного аналізу родоводів досліджувана та контрольна групи дослідження були розподілені всередині на дві підгрупи. До першої підгрупи увійшли пацієнти, близькі родичі яких мали в анамнезі життя ХСК, до другої підгрупи – хворі, в родині яких не зустрічалися випадки ХСК (таблиця 1).



**Рисунок 1.** Родовід учасника з досліджуваної групи (М., 1982 р. н.)

*Примітка.* Зафарбовані фігури – члени родини, де спостерігалася сімейна обтяженість щодо ХСК, а саме: пробанд (III2) – ІХС, його батько (II2) – ІХС, ГХ; його дядько (II1) – ІХС, ГХ; його дід по батьківській лінії (I1) – ІХС, ГХ, помер у віці 69 років від інфаркту міокарда, по материнській лінії родовід щодо ХСК не обтяжений.



**Рисунок 2.** Родовід учасника дослідження з контрольної групи (К., 1950 р. н.)

*Примітка.* Зафарбовані фігури – члени родини, де спостерігалася сімейна обтяженість щодо ХСК, а саме: пробанд (III2) – ІХС, його син (IV1) – ГХ, надлишкова маса тіла; у пробанда сімейна обтяженість щодо ХСК по батьківській та материнській лініях відсутня.

**Таблиця 1**

Частотний розподіл ХСК у родинах учасників дослідження

Групи дослідження	Анамнез ХСК «+»		Анамнез ХСК «-»		p, $\chi^2$
	n	%	n	%	
Досліджувана, n = 108	55	50,9	53	49,1	0,0001, 33,12
Контрольна, n = 178	43	24,2	135	75,8	

З метою визначення ролі спадкової обтяженості у розвитку передчасної ІХС була визначена частота позитивних родинних випадків виникнення ХСК у групах дослідження. Установлено, що достовірно вища частота родинних випадків ХСК зустрічалася серед учасників досліджуваної групи – 50,9 % порівняно з частотою, визначеною в контрольній групі – 24,2 % ( $\chi^2 = 33,12$ ;  $p = 0,0001$ ). Визначені частоти позитивних родинних випадків ХСК у подальшому виконанні цього дослідження дозволили нам провести розрахунки коефіцієнта FA за формулою 1:  $FA = \frac{50,9}{24,2} = 2,1$ .

Таким чином, з'ясовано, що ризик розвитку ХСК у пацієнтів з обтяженим родинним анамнезом щодо ХСК у 2,1 раза вищий порівняно з пацієнтами, близькі родичі яких не мали в анамнезі життя захворювань серцево-судинної системи.

Наступним етапом нашого дослідження стало з'ясування обтяженості родинного анамнезу ХСК за

ступенем спорідненості з пробандом. Спорідненість – це відношення між особами, що утворюється наявністю спільних найближчих родинних зв'язків і спільних предків. Розрізняють три ступені спорідненості: I, II та III. У результаті аналізу обтяженості анамнезу щодо ХСК за ступенем спорідненості відносно пробанда встановлено, що у першій підгрупі досліджуваної групи обтяжений анамнез ХСК був наявний у 48 (87,3 %) осіб, які мали як мінімум одного хворого на ХСК родича I ступеня спорідненості; 5 (9,1 %) осіб – II ступеня спорідненості та 2 (3,6 %) особи – III ступеня.

Відповідно в контрольній групі з 43 учасників першої підгрупи мали хворих на ХСК родичів I ступеня спорідненості – 37 (86,0 %) осіб; II та III ступенів по 3 (7,0 %). Також під час аналізу родоводів визначені частоти обтяженості родинного анамнезу щодо ХСК за декількома ступенями спорідненості одночасно (таблиця 2).

**Таблиця 2**

*Частотний розподіл родинної обтяженості щодо ХСК за I, II та III ступенями спорідненості*

Ступінь спорідненості відносно пробанда	Досліджувана група, анамнез ХСК «+», n = 55		Контрольна група, анамнез ХСК «+», n = 43	
	n	%	n	%
I	44	86,2	35	83,3
II	2	3,9	2	4,8
I, II	3	5,9	2	4,8
III	1	2,0	3	7,1
I, III	1	2,0	0	0
I, II, III	0	0	0	0

З представлених у таблиці 2 даних прослідковується тенденція, що в обох підгрупах домінувала обтяженість родинного анамнезу щодо ХСК переважно серед родичів I ступеня спорідненості. Частота поширеності обтяженого анамнезу захворюваннями серцево-судинної системи в обох підгрупах була відносно тотожною і становила: 86,2 % у досліджуваній групі та 83,3 % в контрольній групі. З приводу обтяженості родинного анамнезу щодо ХСК серед родичів II ступеня спорідненості, то в досліджуваній групі вона зустрічалася у поєднанні з I у 3 (5,9 %) осіб та окремо у 2 осіб (3,9 %). III ступінь спорідненості окремо встановлено в 1 особи (2,0 %) та у поєднанні з I ступенем в 1 особи (2,0 %).

У контрольній групі обтяженість родинного анамнезу щодо ХСК серед родичів I та II ступені спорідненості встановлена у 2 (4,8 %) осіб.

**Обговорення.** Як зазначалося у вступі, суть клініко-генеалогічного дослідження полягає у встановленні родинних зв'язків та простеженні ознак або хвороби

серед близьких і далеких, прямих і непрямих родичів. Аналіз родоводу дає можливість дійти висновку щодо характеру ознаки (спадкова чи ні), типу успадкування (аутосомно-домінантний, аутосомно-рецесивний або зчеплений зі статтю), зиготності пробанда, ступеня пенетрантності й експресивності досліджуваного гена. Аналіз родоводів показує, що всі хвороби детерміновані мутантним геном і підпорядковуються класичним законам Менделя за різних типів успадкування. У цьому дослідженні застосовано даний метод для визначення агрегації хворих на ХСК у родинах пацієнтів молодого віку з передчасною ІХС та в родинах пацієнтів похилого віку з метою встановлення причини розвитку передчасної ІХС серед пацієнтів молодого віку. І хоча клініко-генеалогічний метод рекомендований лише кількома міжнародними шкалами з визначення ризику розвитку ХСК, а саме: QRISK2, JBS3 та Reynolds, через суб'єктивне ставлення деяких дослідників до точності його результатів, але в країнах, що розвиваються, його застосовують завдяки своїй простоті використання та фінансовій доступності [4]. На нашу думку, застосування клініко-генеалогічного методу невиправдано забуто, так як це є простим рішенням у діагностичному пошуку спадкових форм гіперхолестеринемії, яка притаманна пацієнтам молодого віку та може стати підґрунтям для розвитку передчасної ІХС.

**Висновки.** З'ясовано, що в родинах з обтяжливим родинним анамнезом щодо ХСК ризик розвитку передчасної ІХС у 2 рази вищий, про що свідчить розрахований коефіцієнт родинної агрегації (FA) – 2,1;  $p = 0,0001$ ;  $\chi^2 = 33,12$ . Встановлено, що в обох групах дослідження домінувала обтяженість родинного анамнезу щодо ХСК переважно серед родичів I ступеня спорідненості.

**Зв'язок роботи з науковими програмами, планами, темами.** Ця робота є фрагментом науково-дослідної роботи ДУ «Національний інститут серцево-судинної хірургії імені М. М. Амосова НАМН України»: «Розробити та впровадити систему попередження ускладнень та підвищити ефективність хірургічного лікування ішемічної хвороби серця у пацієнтів високого ризику» (№ держреєстрації 0120U103769 прикладна, термін виконання: 2021–2023 рр.).

**Конфлікт інтересів.** Автори заявляють про відсутність конфлікту інтересів.

#### Список використаних джерел References

1. Bulmer M. The Development of Francis Galton's Ideas on the Mechanism of Heredity. *J Hist Biol.* 1999;32(2):263-292. <https://doi.org/10.1023/a:1004608217247>
2. Liu Y. The Influence of Darwin's Pangenesis on Later Theories. *Adv Genet.* 2018;101:63-85. <https://doi.org/10.1016/bs.adgen.2018.05.003>

3. Kurtz BS, Lehman J, Garlick P, Amberg J, Mishra PK, Dailey JW, et al. Penetrance and Expressivity of Genes Involved in the Development of Epilepsy in the Genetically Epilepsy-Prone Rat (GEPR). *J Neurogenet.* 2001;15(3-4):233-244. <https://doi.org/10.3109/01677060109167379>
4. Chacko M, Sarma PS, Harikrishnan S, Zachariah G, Jeemon P. Family history of cardiovascular disease and risk of premature coronary heart disease: A matched case-control study. *Wellcome Open Res.* 2020;5:70. <https://doi.org/10.12688/wellcomeopenres.15829.2>
5. GBD 2017 Causes of Death Collaborators. Global, regional, and national age-sex-specific mortality for 282 causes of death in 195 countries and territories, 1980-2017: a systematic analysis for the Global Burden of Disease Study 2017. *Lancet.* 2018;392(10159):1736-1788. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(18\)32203-7](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(18)32203-7)
6. India State-Level Disease Burden Initiative CVD Collaborators. The changing patterns of cardiovascular diseases and their risk factors in the states of India: the Global Burden of Disease Study 1990-2016. *Lancet Glob Health.* 2018;6(12):e1339-e1351. [https://doi.org/10.1016/S2214-109X\(18\)30407-8](https://doi.org/10.1016/S2214-109X(18)30407-8)
7. Slabkiy HO, Koshelia II. [Mortality of the population of Ukraine due to diseases of the circulatory system]. *Ukraina. Zdorovia natsii.* 2022;1(4):5-10. Ukrainian. <https://doi.org/10.24144/2077-6594.4.1.2022.277015>
8. Ministry of Health of Ukraine. Smertnist naselennia Ukrainy vid khvorob systemy krovoobihu v Ukraini u 2015-2021 rokakh (informatsiino-statystychnyi dovidnyk) [Cardiovascular disease mortality in Ukraine from 2015 to 2021: An informational and statistical handbook]. Kyiv;2023. 32 p. Ukrainian. Available from: <http://medstat.gov.ua/ukr/MMXXII.html>
9. Hladun OM. [The population of Ukraine. Demographic trends in Ukraine in 2002-2019]. Kyiv;2020. Ukrainian.
10. Prabhakaran D, Jeemon P, Roy A. Cardiovascular Diseases in India: Current Epidemiology and Future Directions. *Circulation.* 2016;133(16):1605-1620. <https://doi.org/10.1161/CIRCULATIONAHA.114.008729>
11. CDC. Family Health History and Heart Disease. Atlanta (GA): CDC; 2024. Available from: <https://www.cdc.gov/heart-disease-family-history/risk-factors/index.html>
12. Bachmann JM, Willis BL, Ayers CR, Khera A, Berry JD. Association Between Family History and Coronary Heart Disease Death Across Long-Term Follow-Up in Men: The Cooper Center Longitudinal Study. *Circulation.* 2012;125(25):3092-3098. <https://doi.org/10.1161/CIRCULATIONAHA.111.065490>
13. World Health Organization. Prevention of cardiovascular disease: guidelines for assessment and management of total cardiovascular risk. Geneva: WHO; 2007. 86 p. Available from: <https://iris.who.int/handle/10665/43685>

## Clinical and Genealogical Research as a Method for Predicting the Development of Premature Ischemic Heart Disease

Oleg O. Zhurba<sup>1</sup>, Oleksandr M. Hinhuliak<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Communal Nonprofit Enterprise Cherkasy Regional Cardiological Center Of Cherkasy Oblast Council, Cherkasy, Ukraine

<sup>2</sup>Bukovinian State Medical University, Chernivtsi, Ukraine

### Abstract

**The aim.** To establish the role of the hereditary factor in the risk of developing premature coronary heart disease (CHD) based on clinical and genealogical analysis of pedigrees.

**Materials and methods.** The study included patients with CHD. The total sample size was 286 people, the mean age of the patients was  $58.8 \pm 2.9$  years. The material for the analysis was the data of a clinical and genealogical analysis, which included the collection of data from the proband about the number of relatives with an indication of consanguinity. On the basis of the obtained data, pedigrees were compiled and the coefficient of family aggregation (FA) was calculated. A comparative analysis was conducted between experimental ( $n = 108$ , 25-44 years old) and control ( $n = 178$ , 75-90 years old) groups.

**Results.** As a result of the analysis of pedigrees, it was established that in patients who had premature CHD, which developed at the age of 25-40 years, there was a FA of cardiovascular diseases, as evidenced by the determined frequency of the hereditary burden of family history for cardiovascular diseases of 50.9%. When compared with the corresponding frequency in the group of elderly patients, the determined frequency of family burden of 24.2% which was significantly lower than that in young patients,  $p = 0.0001$ ;  $\chi^2 = 33.12$ . The calculated coefficient of FA was 2.1, which indicates that the risk of premature CHD is two times higher in families with a burdensome family history of cardiovascular diseases. Analysis of the burdensome history of cardiovascular diseases considering the degree of kinship with the proband established that in patients of both groups, the burdensome history was observed with the highest frequency in relatives of the 1st degree of kinship: 86.2% in the experimental and 83.3% in the control groups.

**Conclusions.** It was found that in families with a burdensome family history of cardiovascular diseases, the risk of developing premature CHD is two times higher, as evidenced by the calculated coefficient of FA - 2.1;  $p = 0.0001$ ;  $\chi^2 = 33.12$ . It was found that in both groups of the study, the prevalence of family history of cardiovascular diseases prevailed, mainly among relatives of the first degree of consanguinity.

**Keywords:** *heredity, family aggregation, WHO age classification, cardiovascular diseases, degree of consanguinity.*

Стаття надійшла в редакцію / Received: 08.08.2024

Після доопрацювання / Revised: 29.08.2024

Прийнято до друку / Accepted: 16.09.2024