

Обзоры

© Коллектив авторов, 2026

УДК 616-008.8/616-092.6

Галимов К.Ш.², Литвицкий П.Ф.², Галимова Э.Ф.¹, Рахимова К.Х.², Галимов Ш.Н.¹

Комплексный анализ проблемы мужского бесплодия: от молекулярных механизмов к клиническому применению

¹ФГБОУ ВО «Башкирский государственный медицинский университет» Минздрава России, 450008, Уфа, Россия, ул. Ленина, д. 3

²ФГАОУ ВО «Первый Московский государственный медицинский университет им. И.М. Сеченова» Минздрава России (Сеченовский университет), 119991, Москва, Россия, ул. Трубецкая, д. 8, стр. 2

Статья посвящена анализу данных о механизмах развития мужского бесплодия с акцентом на такие молекулярные механизмы, как окислительный стресс, повреждение ДНК сперматозоидов, эпигенетические нарушения и роль микроРНК (miRNA) в регуляции сперматогенеза. Приводятся сведения о том, что мужской фактор составляет до 50% случаев бесплодия. Традиционные методы диагностики, включая исследование спермограммы, обладают ограниченной прогностической ценностью, что стимулирует поиск новых биомаркеров, таких как наличие признаков фрагментации ДНК и характеристика профилей экспрессии miRNA. Особое внимание уделено роли miRNA (например, miR-34b/c, miR-449a/b/c, miR-135a), которые регулируют ключевые процессы сперматогенеза и могут служить диагностическими маркерами его аномалий. Приводятся сведения об их связи с различными формами патологии, включая азооспермию и астенозооспермию. Предложены рекомендации по включению анализа miRNA в клиническую практику для повышения качества диагностики и прогнозирования эффективности вспомогательных репродуктивных технологий (ВРТ). Аргументируется необходимость дальнейших исследований по разработке персонализированного подхода к лечению мужского бесплодия, что может значительно повысить эффективность медицинской помощи и улучшить демографические показатели.

Ключевые слова: мужское бесплодие; микроРНК; сперматогенез; фрагментация ДНК; биомаркеры

Для цитирования: Галимов К.Ш., Литвицкий П.Ф., Галимова Э.Ф., Рахимова К.Х., Галимов Ш.Н. Комплексный анализ проблемы мужского бесплодия: от молекулярных механизмов к клиническому применению. *Патологическая физиология и экспериментальная терапия*. 2026; 70(1): 153–159.

DOI: 10.48612/pfiet/0031-2991.2026.01.153-159

Участие авторов: концепция и дизайн работы – Галимов Ш.Н.; сбор данных, анализ и интерпретация данных – Галимов К.Ш., Рахимова К.Х.; написание статьи – Галимова Э.Ф.; редактирование статьи – Литвицкий П.Ф. Утверждение окончательного варианта статьи, ответственность за целостность всех частей статьи – все соавторы.

Для корреспонденции: Галимова Эльмира Фанисовна, e-mail: efgalimova@mail.ru

Финансирование. Исследование не имело спонсорской поддержки.

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Поступила 19.05.2025

Принята к печати 29.05.2026

Опубликована 27.03.2026

Galimov K.Sh.², Litvitskiy P.F.², Galimova E.F.¹, Rakhimova K.Kh.², Galimov Sh.N.¹

A comprehensive analysis of the problem of male infertility: from molecular mechanisms to clinical application.

¹Bashkir State Medical University, 3 Lenina St., Ufa, 450008, Russian Federation

²I.M. Sechenov First Moscow State Medical University (Sechenov University), 8 Trubetskaya St., Bldg. 2, Moscow, 119991, Russian Federation

The article is devoted to the analysis of data on the mechanisms of male infertility development with an emphasis on such molecular mechanisms as oxidative stress, sperm DNA damage, epigenetic disorders and the role of microRNA

(miRNA) in the regulation of spermatogenesis. It is reported that the male factor accounts for up to 50% of infertility cases. Traditional diagnostic methods, including spermogram examination, have limited prognostic value, which stimulates the search for new biomarkers, such as the presence of signs of DNA fragmentation and characterization of miRNA expression profiles. Particular attention is paid to the role of miRNA (for example, miR-34b / c, miR-449a / b / c, miR-135a), which regulate key processes of spermatogenesis and can serve as diagnostic markers of its abnormalities. Data on their association with various forms of pathology, including azoospermia and asthenozoospermia are provided. Recommendations are proposed for the inclusion of miRNA analysis in clinical practice to improve the quality of diagnostics and predict the effectiveness of assisted reproductive technologies (ART). The need for further research to develop a personalized approach to the treatment of male infertility is argued, which can significantly improve the effectiveness of medical care and improve demographic indicators.

Keywords: male infertility; microRNA; spermatogenesis; DNA fragmentation; biomarkers

For citation: Galimov K.Sh., Litvitskiy P.F., Galimova E.F., Galimov Sh.N. A comprehensive analysis of the problem of male infertility: from molecular mechanisms to clinical application. *Patologicheskaya Fiziologiya i Eksperimental'naya terapiya. (Pathological Physiology and Experimental Therapy, Russian Journal)*. 2026; 70(1): 153–159. (in Russian).

DOI: 10.48612/pfiet/0031-2991.2026.01.153-159

Author's contribution: concept and design of the work – Galimov Sh.N.; data collection, analysis and interpretation of data – Galimov K.Sh., Rakhimova K.Kh.; writing of the article – Galimova E.F.; editing of the article – Litvitskiy P.F. Approval of the final version of the article, responsibility for the integrity of all parts of the article – all authors.

For correspondence: *Elmira F. Galimova*, D.Sc, associate prof., Bashkir State Medical University, e-mail: efgalimova@mail.ru

Information about the authors:

Galimov K.Sh., <https://orcid.org/0000-0002-0148-4380>

Litvitskiy P.F., <https://orcid.org/0000-0003-0151-9114>

Galimova E.F., <https://orcid.org/0000-0002-3351-7669>

Rakhimova K.Kh., <https://orcid.org/0009-0003-8795-4359>

Galimov Sh.N., <https://orcid.org/0000-0002-5871-5151>

Financing. The study had no sponsorship.

Conflict of interest. The authors declare no conflict of interest.

Received 19.05.2025

Accepted 29.05.2026

Published 27.03.2026

Введение

Репродуктивное здоровье населения становится все более актуальной проблемой мирового здравоохранения. Согласно последним эпидемиологическим данным, бесплодие диагностируется у каждой седьмой пары репродуктивного возраста, причем гендерное распределение причин носит равномерный характер [1, 2]. Глобальная статистика свидетельствует, что около 190 миллионов человек во всем мире сталкиваются с проблемами зачатия, при этом в 50% случаев (95 миллионов) нарушение репродуктивной функции обусловлено мужским фактором [3, 4]. Многочисленные исследования демонстрируют тревожную тенденцию к ухудшению показателей мужской фертильности. Особую озабоченность вызывает рост доли идиопатических форм, что подчеркивает недостаточность наших знаний о механизмах репродуктивных нарушений. Мета-регрессионный анализ данных за последние че-

тыре десятилетия выявил постепенное снижение средней концентрации сперматозоидов в эякуляте, ухудшение качественных характеристик спермы (подвижность, морфология), устойчивый рост частоты мужского бесплодия [5]. Все это подчеркивает необходимость углубленного изучения патогенетических звеньев, среди которых в андрологии в настоящее время особое внимание уделяется окислительному стрессу и повреждению ДНК сперматозоидов, эпигенетическим нарушениям, включая дисрегуляцию микроРНК, и генетическим мутациям с хромосомными аномалиями.

Лечение мужского бесплодия представляет собой сложную врачебную задачу, поскольку оно носит в основном эмпирический характер из-за отсутствия точных данных о причине возникновения и широкого спектра клинических вариантов. Прогноз итогов терапии затрудняется также из-за непредсказуемости индивидуального ответа на нее и ограниченной эффективности существующих подходов.

Мужское бесплодие имеет значительные социально-экономические последствия, которые проявляются на нескольких уровнях. На индивидуальном уровне оно вызывает глубокий психологический стресс и кризис мужской идентичности, снижение качества жизни пациента и социальную дезадаптацию, увеличение риска развития депрессивных состояний.

На уровне системы здравоохранения эта форма патологии создает дополнительную нагрузку на медицинские учреждения, что требует значительных финансовых затрат на процессы диагностики и лечения, увеличивает потребность в специализированной помощи для семейных пар с бесплодием.

На общегосударственном уровне мужское бесплодие усугубляет, прежде всего, демографические проблемы, особенно в странах с низкой рождаемостью, требуя разработки специальных социальных программ поддержки. Это, как следствие, приводит к экономическим потерям из-за снижения производительности труда. Особую остроту указанные проблемы приобретают в условиях современного демографического кризиса, когда каждая возможность восстановления репродуктивной функции имеет важное значение для современного общества.

Стандартом диагностики мужского бесплодия остается спермограмма, выполняемая согласно критериям ВОЗ (последнее, 6-е издание руководства опубликовано в 2021 году). Однако клиническая практика выявляет существенные ограничения ее традиционных параметров – это низкая прогностическая ценность рутинных показателей (концентрация, подвижность, морфология сперматозоидов), значительная вариабельность результатов различных лабораторий, отсутствие четкой корреляции с фертильным потенциалом. Таким образом, традиционные исследования параметров эякулята имеют относительно низкую прогностическую ценность, что стимулирует поиск новых маркеров, таких как оценка фрагментации ДНК сперматозоидов, включенная в последнее руководство ВОЗ.

Многочисленные исследования показывают, что проблемы сперматогенеза, развития яичек, созревания и миграции сперматозоидов могут быть связаны с нарушениями репарации ДНК. Дефекты механизма репарации могут усилить последствия повреждения ДНК в зародышевых клетках, что приведет к аномальному сперматогенезу и бесплодию. Морфологические нарушения сперматозоидов и расстройства созревания хроматина признаются значимыми маркерами мужской фертильности [6–8].

Результаты анализа структурных аномалий и степени повреждения ДНК сперматозоидов играют ключевую роль в оценке репродуктивного потенциала мужчины [9]. Повреждение ДНК сперматозоидов служит не толь-

ко важным показателем качества эякулята, но и ценным диагностическим критерием бесплодия. Определение уровня фрагментации ДНК позволяет прогнозировать успешность применения ВРТ и выбирать оптимальную тактику лечения.

Фрагментация ДНК – это молекулярный маркер, отражающий целостность генетического материала. Широкое внедрение метода оценки наличия и масштаба фрагментации ДНК сперматозоидов в клиническую практику сталкивается с существенными ограничениями, связанными с высокой стоимостью исследования и значительной трудоемкостью выполнения теста (TUNEL, SCSA). Эти факторы делают проведение такого анализа малодоступным для рутинного скрининга в условиях стандартной лабораторной практики, что диктует необходимость разработки альтернативных, экономически целесообразных подходов к отбору пациентов для углубленного обследования. Это, в свою очередь, требует поиска более доступных маркеров, например, экспрессии микроРНК, коррелирующих с уровнем фрагментации ДНК сперматозоидов.

Сперматогенез – сложный многоэтапный процесс формирования зрелых сперматозоидов, регулируемый более чем 2000 генов [10]. Его нарушения могут быть вызваны различными причинами, многие из которых остаются неизученными. Перспективным решением проблемы представляется выявление и валидация дополнительных параметров эякулята, которые демонстрируют устойчивую корреляцию с уровнем повреждения ДНК сперматозоидов. Особый интерес в этом контексте представляет изучение профиля экспрессии ключевых регуляторов транскрипционных процессов, в частности, микроРНК – класса коротких некодирующих РНК, играющих важную роль в посттранскрипционной регуляции генной экспрессии [11].

МикроРНК (miRNAs) – это эволюционно консервативные некодирующие молекулы РНК, состоящие в среднем из 22 нуклеотидов. Они выполняют важнейшую регуляторную функцию на посттранскрипционном уровне. Современные исследования подтверждают, что miRNAs выступают основными регуляторами подавления генной экспрессии (сайленсинга). Механизм их действия основан на специфическом связывании с 3'-нетранслируемыми участками (3'UTR) матричных РНК-мишеней. Это взаимодействие приводит к двум возможным исходам: блоку процесса трансляции и деградации целевых мРНК [12, 13]. Указанные молекулы участвуют в реализации тонкого механизма контроля экспрессии генов, играющего критическую роль в биологических процессах. Их изучение открывает новые перспективы в понимании регуляции клеточных функций в целом.

Исследование экспрессионных паттернов микроРНК может предоставить ценную диагностическую информацию, сопоставимую по значимости с данными о фрагментации ДНК, но при этом они требуют менее затратных и более простых в исполнении методик анализа. Это открывает новые возможности для разработки алгоритмов, позволяющих оптимизировать процесс диагностики мужского бесплодия. Их роль выходит далеко за рамки простых маркеров, включая молекулярные механизмы контроля сперматогенеза. Она включает в себя регуляцию процессов пролиферации и дифференцировки сперматогоний, контроль мейотических делений, управление спермиогенезом. Изучение их открывает новые перспективы в понимании регуляции клеточных функций. В **таблице** представлены клинически значимые miRNA-кластеры мужского бесплодия [14, 15].

Следует подчеркнуть, что различные механизмы регулирования целостности ДНК связаны с аномальной экспрессией многочисленных микроРНК. При этом каждая из них обладает несколькими целевыми молекулами и множеством сайтов связывания, иногда для одних и тех же или для различных микроРНК [16]. Дисфункция этих регуляторных механизмов напрямую связана с развитием различных форм патологии репродуктивной системы, включая полное отсутствие сперматозоидов (азооспермия), снижение концентрации сперматозоидов (олигоспермия), нарушение подвижности половых клеток (астенозооспермия), аномалии морфологии сперматозоидов (тератозооспермия).

Изменения экспрессии микроРНК оказывают существенное влияние также и на качественные характеристики ооцитов, что подтверждается данными современных исследований [17]. Эти молекулы представляют собой важ-

ное звено в сложной системе регуляции репродуктивной функции как у мужчин, так и у женщин. В настоящее время микроРНК рассматриваются как эффективные модуляторы всех этапов репродуктивного процесса, включая гаметогенез, оплодотворение, имплантацию эмбриона, эмбриональное развитие и сохранение беременности [18].

Современные исследования выявили наличие трех основных источников РНК в сперматозоидах: остаточная РНК, продуцируемая яичками; РНК, переносимая эпидидимальными пузырьками, которые транспортируются в сперматозоиды, когда они находятся в эпидидимисе; РНК зрелых сперматозоидов, которая подвергается транскрипции *de novo* в самих гаметах [19].

Так, например, miR-34 имеет решающее значение для первого деления в зиготе и участвует в контроле апоптоза, что важно для поддержания баланса между пролиферацией и гибелью зародышевых клеток, а также необходимо для регуляции и дифференцировки сперматозоидов [20]. В то же время, miR-449a/b/c – критически важная молекула для мейоза, процесса деления клеток, приводящего к образованию гаплоидных сперматозоидов, активно участвует в ремоделировании хроматина, что необходимо для правильной упаковки ДНК в сперматозоидах [21]. Идентифицирован также локус miR-21, непосредственно участвующий в стимулировании и пролиферации клеток Сертоли – соматических клеток, обеспечивающих питание и поддержку развивающихся сперматозоидов, влияя на микроокружение семенных канальцев.

MiR-135a участвует в обеспечении митохондриальной активности, регулируя энергетический метаболизм в сперматозоидах и их подвижность. Снижение экспрессии miR-135a, как правило, снижает подвижность сперматозоидов

Таблица/Table

Клинически важные кластеры miRNA мужского бесплодия**Clinically important miRNA clusters in male infertility**

miRNA	Хромосомная локализация / Chromosomal localization	Основные функции / Main functions	Ассоциированные патологии / Associated pathologies
miR-34b/c	11q23.1	Контроль апоптоза, дифференцировка / Control of apoptosis, differentiation	ОАТ-синдром (олигоастенотератозооспермия) / OAT syndrome (oligoasthenoteratozoospermia)
miR-449a/b/c	5q11.2	Мейоз, ремоделирование хроматина / Meiosis, chromatin remodeling	Азооспермия / Azoospermia
miR-21	17q23.1	Пролиферация клеток Сертоли / Sertoli cell proliferation	Секреторная недостаточность / Secretory insufficiency
miR-135a	12q23.1	Энергетический метаболизм / Energy metabolism	Астенозооспермия / Asthenozoospermia
miR-200c	12p13.31	Окислительный стресс / Oxidative stress	Идиопатическое бесплодие / Idiopathic infertility

из-за нарушения их энергетического обеспечения, приводя к астенозооспермии [22]. MiR-200c непосредственно контролирует окислительный стресс, защищая сперматозоиды от повреждения свободными радикалами, то есть обеспечивает их антиоксидантную защиту. При дисфункции miR-200c развивается бесплодие неясного генеза, связанное, вероятно, с окислительно-восстановительным дисбалансом.

Hua M. et al. идентифицировали пять вариантов микроРНК (miR-132-3p, miR-191-3p, miR-520a-5p, miR-101-3p и miR-29a-3p), которые могут служить потенциальными маркерами оценки качества спермы при ЭКО [23]. Установлено, что повышенная экспрессия miR-191-5p связана с большей вероятностью оплодотворения, качеством эмбрионов и лучшими показателями их развития. Это указывает на потенциальную роль miRNA как биомаркера для отбора высококачественных сперматозоидов при программировании ЭКО.

При полногеномном профилировании экспрессии микроРНК в образцах спермы хорошего качества было обнаружено 86 активированных и 21 подавленных miRNA по сравнению с образцами плохого качества [24]. MiR-34, 122, 20, 182 и 191 были среди активированных miRNA. Алгоритмы прогнозирования *in silico* предсказали, что miRNAs, повышенная регуляция которых наблюдается в сперме хорошего качества, нацелены на 910 генов, участвующих в ключевых биологических функциях сперматозоидов, таких как гибель и выживание клеток, подвижность, молекулярный транспорт, реакция на стимулы, метаболизм и регуляция окислительного стресса. Гены, нерегулируемые в сперме плохого качества, участвуют в росте и пролиферации клеток.

Заключение

Идиопатическое мужское бесплодие по-прежнему представляет собой одну из наиболее сложных и не до конца изученных проблем современной репродуктивной медицины. Несмотря на значительные достижения в области вспомогательных репродуктивных технологий, включая методы экстракорпорального оплодотворения (ЭКО), эта форма бесплодия продолжает оставаться серьезным препятствием для многих супружеских пар, мечтающих о рождении ребенка. Глубокая научная про-

работка молекулярных и генетических механизмов, лежащих в основе идиопатического бесплодия, имеет принципиально важное значение. Только всестороннее понимание этих процессов позволит разработать эффективные стратегии диагностики и лечения, что в конечном итоге повысит шансы бесплодных пар на успешное зачатие и рождение здорового потомства [4, 25, 26].

Современная андрология стоит на пороге революционных изменений в подходе к диагностике и лечению мужского бесплодия. Внедрение miRNA-технологий в клиническую практику позволит осуществить переход от эмпирической терапии к патогенетически обоснованному лечению, повысить эффективность ВРТ за счет точного прогнозирования результатов, разработать персонализированные схемы ведения пациентов, снизить экономическую нагрузку за счет оптимизации диагностических алгоритмов. Важными особенностями этого метода исследования являются его высокая тканевая специфичность (разные профили в норме и патологии); исключительная стабильность в биологических жидкостях; раннее появление при патологических процессах; неинвазивность метода (эякулят, кровь).

Для практикующих специалистов есть существенные основания рекомендовать:

- 1) включать оценку miRNA-профиля в комплексное обследование при идиопатическом бесплодии;
- 2) использовать miRNA-маркеры для прогноза эффективности ВРТ;
- 3) учитывать роль эпигенетических факторов при консультировании пар, планирующих рождение детей.

Перспективным направлением представляется также создание мультимаркерных панелей, сочетающих оценку традиционных параметров спермограммы с уровнем фрагментации ДНК и экспрессии ключевых miRNA. Это позволит персонализировать лечение мужского бесплодия и значительно повысить эффективность медицинской помощи супружеским парам. Дальнейшие исследования в этом направлении обеспечат не только улучшение понимания фундаментальных механизмов репродукции, но и кардинально изменят подходы к лечению бесплодия, открывая новые возможности для миллионов пар во всем мире.

Литература

(п.п. 1–6; 8–12; 14–26 см. References)

7. Галимов Ш.Н., Ахметов Р.М., Галимова Э.Ф., Байрамгулов Ф.М., Биккулова Л.Р. Молекулярные аспекты влияния комплекса Сперотон на мужскую фертильность при идиопатическом бесплодии. *Урология*. 2017; 2: 88–92. <https://dx.doi.org/10.18565/urol.2017.2.88-92>
13. Громенко Ю.Ю., Громенко И.Д., Галимова С.Ш., Галимова Э.Ф., Громенко Д.Д., Булыгин К.В. и др. Роль и место микроРНК в патогенезе бесплодия. *Вопросы гинекологии, акушерства и перинатологии*. 2023; 22(6): 65–72. <https://doi.org/10.20953/1726-1678-2023-6-65-72>

References

- Cox C., Thoma M., Tchangalova N., Mburu G., Bornstein M., Johnson C., et al. Infertility prevalence and the methods of estimation from 1990 to 2021: a systematic review and meta-analysis. *Hum Reprod Open*. 2022; 2022(4): hoac051. <https://doi.org/10.1093/hropen/hoac051>
- Sun H., Gong T., Jiang Y., Zhang S., Zhao Y., Wu QJ. Global, regional, and national prevalence and disability-adjusted life-years for infertility in 195 countries and territories, 1990–2017: results from a global burden of disease study, 2017. *Aging (Albany NY)*. 2019; 11(23): 10952–991. <https://doi.org/10.18632/aging.102497>
- Ferlin A., Garolla A., Ghezzi M., Selice R., Palego P., Caretta N., et al. Sperm Count and Hypogonadism as Markers of General Male Health. *Eur Urol Focus*. 2021; 7(1): 205–13. <https://doi.org/10.1016/j.euf.2019.08.001>
- Agarwal A., Baskaran S., Parekh N., Cho C., Henkel R., Vij S. Male infertility. *Lancet*. 2021; 397(10271): 319–33. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)32667-2](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)32667-2)
- Levine H., Jørgensen N., Martino-Andrade A., Mendiola J., Weksler-Derri D., Jolles M., et al. Temporal trends in sperm count: a systematic review and meta-regression analysis of samples collected globally in the 20th and 21st centuries. *Hum Reprod Update*. 2023; 29(2): 157–76. <https://doi.org/10.1093/humupd/dmac035>
- Esteves S. Are specialized sperm function tests clinically useful in planning assisted reproductive technology? *Int Braz J Urol*. 2020; 46(1): 116–23. <https://doi.org/10.1590/S1677-5538.IB-JU.2020.01.03>
- Galimov Sh.N., Akhmetov R.M., Galimova E.F., Bairamgulov F.M., Bikkulova L.R. Molekular aspekt of the impact of the speron complex on the male fertility in idiopathic infertility. *Urologiya*. 2017; 2: 88–92. <https://dx.doi.org/10.18565/urol.2017.2.88-92> (in Russian)
- Lin H., Wu M., Wu W., Tsai L., Chen Y., Hung K. Incorporating sperm DNA fragmentation index with computer-assisted semen morphokinematic parameters as a better window to male fertility. *Chin J Physiol*. 2022; 65(3): 143–50. https://doi.org/10.4103/CJP.CJP_12_22
- Aghazarian A., Huf W., Pflüger H., Klatte T. Standard Semen Parameters vs. Sperm Kinematics to Predict Sperm DNA Damage. *World J Mens Health*. 2021; 39(1): 116–22. <https://doi.org/10.5534/wjmh.190095>
- Wagner A., Turk A., Kunej T. Towards a Multi-Omics of Male Infertility. *World J Mens Health*. 2023; 41(2): 272–88. <https://doi.org/10.5534/wjmh.220186>
- Daneshmandpour Y., Bahmanpour Z., Hamzeiy H., Mazaheri Moghaddam M., Mazaheri Moghaddam M., Khademi B., et al. MicroRNAs association with azoospermia, oligospermia, asthenozoospermia, and teratozoospermia: a systematic review. *J Assist Reprod Genet*. 2020 Apr; 37(4): 763–75. <https://doi.org/10.1007/s10815-019-01674-9>
- Mokánszki A., Molnár Z., Varga Tóthné E., Bodnár B., Jakab A., Bálint B., et al. Altered microRNAs expression levels of sperm and seminal plasma in patients with infertile ejaculates compared with normozoospermic males. *Hum Fertil Camb Engl*. 2020; 23(4): 246–55. <https://doi.org/10.1080/14647273.2018.1562241>
- Gromenko Yu.Yu., Gromenko I.D., Galimova S.Sh., Galimova E.F., Gromenko D.D., Bulygin K.V., et al. Role and place of microRNAs in the pathogenesis of infertility. *Voprosy Ginekologii, Akusherstva i Perinatologii*. 2023; 22(6): 65–72. <https://doi.org/10.20953/1726-1678-2023-6-65-72> (In Russian)
- Barbu M., Thompson D., Suciu N., Voinea S., Cretoiu D., Predescu D. The Roles of MicroRNAs in Male Infertility. *Int J Mol Sci*. 2021; 22(6): 2910. <https://doi.org/10.3390/ijms22062910>
- Joshi M., Sethi S., Mehta P., Kumari A., Rajender S. Small RNAs, spermatogenesis, and male infertility: a decade of retrospect. *Reprod Biol Endocrinol*. 2023; 21(1): 106. <https://doi.org/10.1186/s12958-023-01155-w>
- Xie Y, Wu C, Chen W, Wu Z, Cai G, Hong L. Extracellular vesicles-encapsulated microRNA in mammalian reproduction: A review. *Theriogenology*. 2023; 196: 174–85. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2022.11.022>
- Abdulmonem W., Ahsan M., Mallick A., Mohamed A., Waggiallah H., Shafie A., et al. The Role of Exosomal miRNAs in Female Infertility: Therapeutic Potential and Mechanisms of Action. *Stem Cell Rev Rep*. 2025. <https://doi.org/10.1007/s12015-025-10869-w>
- Alibakhshi R., Soleimani M., Yari K., Kalhori A., Karami M., Kalhori M. Role of miRNA polymorphisms on male and female infertility and recurrent implantation failure. *J Obstet Gynaecol Res*. 2025; 51(4): e16281. <https://doi.org/10.1111/jog.16281>
- Santiago J., Silva J., Howl J., Santos M., Fardilha M. All you need to know about sperm RNAs. *Hum Reprod Update*. 2021; 28(1): 67–91. <https://doi.org/10.1093/humupd/dmab034>
- Momeni A., Najafipour R., Hamta A., Jahani S., Moghbelinejad S. Expression and Methylation Pattern of hsa-miR-34 Family in Sperm Samples of Infertile Men. *Reprod Sci*. 2020; 27(1): 301–8. <https://doi.org/10.1007/s43032-019-00025-4>
- Pantos K., Grigoriadis S., Tomara P., Louka I., Maziotis E., Pantou A., et al. Investigating the Role of the microRNA-34/449 Family in Male Infertility: A Critical Analysis and Review of the Literature. *Front Endocrinol (Lausanne)*. 2021; 12: 709943. <https://doi.org/10.3389/fendo.2021.709943>
- Li W., Zhang L., Yin X., Yu T. Expression of miR-135a-5p and its target gene JAK2 in spermatozoa of patients with asthenozoospermia. *Andrologia*. 2021; 53(11): e14214. <https://doi.org/10.1111/and.14214>
- Hua M., Liu W., Chen Y., Zhang F., Xu B., Liu S., et al. Identification of small non-coding RNAs as sperm quality biomarkers for in vitro fertilization. *Cell discovery*. 2019; 5(1): 1–5. <https://doi.org/10.1038/s41421-019-0087-9>
- Cassuto N., Boitrelle F., Mouik H., Larue L., Keromnes G., Lédée N., et al. Genome-Wide microRNA Expression Profiling in Human Spermatozoa and Its Relation to Sperm Quality. *Genes (Basel)*. 2025; 16(1): 53. <https://doi.org/10.3390/genes16010053>
- Galimov Sh.N., Gromenko J.Y., Bulygin K.V., Galimov K.Sh., Galimova E.F., Sinelnikov M.Y. The level of secondary messengers and the redox state of NAD⁺/NADH are associated with sperm quality in infertility. *J Reprod Immunol*. 2021; 148: 103383. <https://doi.org/10.1016/j.jri.2021.103383>
- Burgos C., Cikutovic R., Alarcón M. MicroRNA expression in male infertility. *Reprod Fertil Dev*. 2022; 34(12): 805–18. <https://doi.org/10.1071/RD21131>

Сведения об авторах:

Галимов Камиль Шамилович, канд. мед. наук, ассистент каф. патофизиологии, ФГАОУ ВО «Первый МГМУ им. И.М. Сеченова» Минздрава России (Сеченовский университет)

Литвицкий Петр Францевич, чл.-корр. РАН, доктор мед. наук, профессор каф. патофизиологии, ФГАОУ ВО «Первый МГМУ им. И.М. Сеченова» Минздрава России (Сеченовский университет)

Галимова Эльмира Фанисовна, доктор мед. наук, доцент, проф. каф. патологической физиологии, ФГБОУ ВО БГМУ Минздрава России

Рахимова Камила Халиловна, студентка, ФГАОУ ВО «Первый МГМУ им. И.М. Сеченова» Минздрава России (Сеченовский университет)

Галимов Шамиль Нариманович, доктор мед. наук, проф., зав. каф. биологической химии, ФГБОУ ВО БГМУ Минздрава России