

Однією з важливих функцій імунної клітини є боротьба з онкологічними захворюваннями, мікробними інфекціями та пошкодженнями клітин. Попередні одноклітинні дослідження складу й розвитку імунної системи у здорових організмів проклали шлях до профілювання імунних клітин у патологічних тканинах, що може дозволити ідентифікувати молекулярні рушії, охарактеризувати регіональний імунний вихід та дасть можливість краще зрозуміти механізми виникнення та прогресування різних захворювань. Інфільтровані імунні клітини в патологічних тканинах безпосередньо контактують з патогенами. Дослідження окремих клітин інфільтрованих лімфоїдних і мієлоїдних клітин дали нові знання про діагностику та лікування захворювань.

Також використання scRNA-seq має місце у вивченні фізіологічного кровотворення, визначення молекулярних фенотипів клітин та вивчення старіння імунних клітин. У поєднанні з методом CRISPR-Pooled Screens відстежують розвиток мієлоїдних клітин і ідентифікувати регуляторні схеми для диференціації лінії.

**Висновки.** Отже, метод секвенування одноклітинної РНК дає можливість ідентифікувати багато нових типів клітин і шляхів їх диференціювання та успішно використовується з цією метою. Він є потужним методом аналізу клітинно-специфічного транскриптома на рівні однієї клітини та є перспективним напрямком досліджень. Основним застосуванням scRNA-seq є картографування атласу імунних клітин, який містить детальні клітинні та молекулярні сигнатури імунних клітин з різних фізіологічних і патологічних контекстів, тканин і видів. Молекулярна карта для конкретних типів імунних клітин і регуляції генів може забезпечити надійні клітинні та молекулярні мішені для діагностики та лікування захворювань. Розуміння відмінностей в імунному мікросередовищі різних тканин допоможе і прискорить як фундаментальні дослідження, так і клінічні дослідження раку. Перспективним є порівняння атласів імунних клітин різних видів, щоб дослідити еволюцію імунної системи. Також поєднуючи одноклітинний аналіз протеома, геному, епігенома, і просторового розташування, секвенування одноклітинної РНК продовжить сприяти глибшому розумінню імунної системи.

## ВИКОРИСТАННЯ СУЧАСНИХ МЕТОДІВ ДІАГНОСТИКИ ДЛЯ ВИВЧЕННЯ СКЛАДУ МІКРОБІОТИ РОТОВОЇ ПОРОЖНИНИ

Веприцька А.Р.<sup>1</sup>

Наукові керівники: Дубініна Н.В.<sup>2</sup>, Мокляк Н.А.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Первомайський ліцей №7 Первомайської міської ради Харківської обл., Первомайськ,  
Україна

<sup>2</sup>Національний фармацевтичний університет, Харків, Україна  
dubininanata13@gmail.com

**Вступ.** Мікробіоценоз ротової порожнини складається з різних таксономічних груп мікробів, які вступають в біохімічні, імунологічні та інші зв'язки з макроорганізмом та один з одним. Мікробіом – це перша лінія захисту людини від хвороб, інфекцій і атаки аутогенів. Мікробіом ротової порожнини у кожної людини унікальний, як і відбитки пальців.

**Мета дослідження.** Вивчення сучасних методів дослідження для вивчення якісного складу мікробіоти ротової порожнини.

**Матеріали та методи.** Вивчення наукової літератури за темою дослідження.

**Результати дослідження.** За даними різних авторів, які провели культуральні і молекулярно-біологічні дослідження, до складу мікробіоти ротової порожнини входять представники в діапазоні від 700 до 1000 видів бактерій. Більшість з представлених видів бактерій є транзиторними, так як вони не здатні до тривалого виживання в особливих умовах середовища ротової порожнини. Таким чином, практично у кожної людини серед постійно присутніх виділяють 50-200 видів мікроорганізмів.

Технологія секвенування нового покоління (NGS) здійснила революцію в генетиці та забезпечила розвиток персоналізованої медицини завдяки своїй швидкості, пропускній здатності та точності. Визначення мікроорганізмів до виду на рівні генів підвищує якість проведення таких досліджень та дає можливість оцінювати кількісні та якісні зміни у мікробіомі ротової порожнини у людей з різним типом харчування. За результатами лабораторних досліджень, проведених шляхом генетичного секвенування серед веганів і всеїдних виявлена і схожість і різниця в складі мікробіоти слини на всіх таксономічних рівнях. Так, серед 23 основних родів високий ступінь співпадання спостерігався між *Porphyromonas* spp. і *Fusobacterium* spp. і між *Porphyromonas* spp. і *Neisseria* spp. Та навпаки, спостерігалася виражене виключення між *Veillonella* spp. і *Porphyromonas* spp.; *Veillonella* spp. і *Neisseria* spp. і таке інше. Доведено, що мікробні спільноти у веганів і всеїдних філогенетично схожі, з різницею в структурі спільноти, обумовленої різною чисельністю видів.

Використання певних маркерів також дає можливість всебічно оцінювати і пояснити результати досліджень. Проведені дослідження з використанням маркерів для порівняння біохімічних показників, складу ферментів, тощо – дозволяють робити порівняння і достовірні висновки. Наприклад, споживання всеїдними жирних кислот з середньою довжиною ланцюга і харчових волокон призводить до бактеріального різноманіття, що пов'язане з структурним співтовариством, а також відносною кількістю на рівні видів. Крім того, визначаються мікроорганізми – маркери запалення (наприклад, *Campylobacter rectus*, *Porphyromonas endodontalis*). Відкриття Hansen A. і співавторів про те, що певні бактерії ротової порожнини пов'язані з циркулюючими запальними маркерами, є додатковим доказом передбачуваного зв'язку між мікробіотою порожнини рота і системним захворюванням.

**Висновки.** Сучасні методи лабораторної діагностики, серед яких є генетичне секвенування, особливо технологія секвенування нового покоління (NGS), використання маркерів фізіологічних змін і визначення маркерних мікроорганізмів спрощує та прискорює діагностику, відкриває нові можливості до аналізу, і, можливо – нових відкриттів у галузі медицини.

## КЛІНІКО-ЛАБОРАТОРНА ХАРАКТЕРИСТИКА ЕФЕКТИВНОСТІ ЛІКУВАННЯ ШЕМІЧНОЇ ХВОРОБИ СЕРЦЯ

Глушко В. Ю.

Науковий керівник: Матвійчук О. П.

Національний фармацевтичний університет, Харків, Україна  
alloqwerty2018@gmail.com

**Вступ.** Україна посідає одне з перших місць у Європі за смертністю від хвороб системи кровообігу (459,48 на 100 тис. населення), що значно перевищує аналогічні показники Франції