

впровадження контролю таких станів у практику клінічних досліджень, матиме позитивний ефект у запобіганні та лікуванні сечокам'яної хвороби.

СЕКВЕНУВАННЯ ОДНОКЛІТИННОЇ РНК

Васильченко В. С.

Науковий керівник: Криськів О. С.

Національний фармацевтичний університет, Харків, Україна

Vickywonder00@gmail.com

Вступ. Наприкінці XIX ст. імунологічні дослідження розпочались з відкриття фагоцитозу Еліасом Мечниковим і нейтралізуючих антитіл Емілем Берінгом і Полом Ерліхом. З того часу в імунології накопичено достатньо знань для розробки складних терапевтичних підходів, зокрема і щодо вивчення контрольних точок для лікування раку. Проте, як у фундаментальній, так і в прикладній імунології залишається достатньо проблем, які гарантують, що дослідження залишатимуться такими ж важливими, як і раніше.

Мета дослідження. Імунна система — це захисна система господаря, що складається з багатьох імунних клітин. Технічні розробки в мікроскопії та проточній цитометрії значно прискорили класифікацію імунних клітин. Однак ці методи все ще обмежені кількістю параметрів для визначення типу клітини та революцією імунної системи. Важливим є нещодавні дослідження секвенування одноклітинної РНК (scRNA-seq).

Матеріали та методи. Вивчення наукової літератури, статей, патентної документації, що характеризують стан досліджень імунної системи.

Результати дослідження. Розвиток секвенування одноклітинної РНК (scRNA-seq) революціонував здатність вивчати імунну систему та подолати вузьке місце імунологічних досліджень. Перевизначені типи клітин демонструють надзвичайну неоднорідність імунних клітин, що є важливою особливістю імунології. Ці відкриття надихають дослідників покращити пропускну здатність, чутливість, точність, вартість і зручність технології scRNA-seq.

В ембріологічних, імунологічних, фізіологічних, патологічних та інших дослідженнях, при традиційному масовому аналізі деяка цінна інформація може бути втрачена. scRNA-seq надає рішення для комплексного вивчення багатоклітинних тканин шляхом виявлення гетерогенності та характеристики нових типів клітин у зразках здоров'я та захворювань.

Процес відбувається у декілька етапів, оскільки неможливо безпосередньо секвенувати РНК окремої клітини. Спочатку необхідно отримати з неї комплементарну ДНК (кДНК), а її вже можна секвенувати. При одноклітинному секвенуванні РНК потрібно забезпечити відокремлення клітин одна від одної та ампліфікувати (збільшити кількість молекул) РНК, тому що у клітині її знаходиться надто мало, аби процес пройшов успішно.

Кількість секвенованих зчитувань, яка представляє рівень експресії генів, становить цифрову матрицю експресії генів для біоінформаційного аналізу. Кожен тип клітини має унікальний транскриптом, який можна представити як матрицю даних. Примітно, що сучасні методи scRNA-seq у поєднанні з окремою одноклітинною платформою захоплення можуть задовольнити різноманітні потреби різних типів імунологічних досліджень.

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.¹

Наукові керівники: Дубініна Н.В.², Мокляк Н.А.¹

¹Первомайський ліцей №7 Первомайської міської ради Харківської обл., Первомайськ,
Україна

²Національний 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.