

**МІНІСТЕРСТВО ОХОРОНИ ЗДОРОВ'Я УКРАЇНИ  
ВИЩИЙ ДЕРЖАВНИЙ НАВЧАЛЬНИЙ ЗАКЛАД УКРАЇНИ  
«БУКОВИНСЬКИЙ ДЕРЖАВНИЙ МЕДИЧНИЙ УНІВЕРСИТЕТ»**



## **МАТЕРІАЛИ**

**100 – ї**

**підсумкової наукової конференції  
професорсько-викладацького персоналу  
Вищого державного навчального закладу України  
«БУКОВИНСЬКИЙ ДЕРЖАВНИЙ МЕДИЧНИЙ УНІВЕРСИТЕТ»  
11, 13, 18 лютого 2019 року**

**(присвячена 75 - річчю БДМУ)**

**Чернівці – 2019**

УДК 001:378.12(477.85)

ББК 72:74.58

М 34

Матеріали 100 – ї підсумкової наукової конференції професорсько-викладацького персоналу вищого державного навчального закладу України «Буковинський державний медичний університет», присвяченої 75-річчю БДМУ (м. Чернівці, 11, 13, 18 лютого 2019 р.) – Чернівці: Медуніверситет, 2019. – 544 с. іл.

ББК 72:74.58

У збірнику представлені матеріали 100 – ї підсумкової наукової конференції професорсько-викладацького персоналу вищого державного навчального закладу України «Буковинський державний медичний університет», присвяченої 75-річчю БДМУ (м.Чернівці, 11, 13, 18 лютого 2019 р.) із стилістикою та орфографією у авторській редакції. Публікації присвячені актуальним проблемам фундаментальної, теоретичної та клінічної медицини.

Загальна редакція: професор Бойчук Т.М., професор Івашук О.І., доцент Безрук В.В.

Наукові рецензенти:

професор Братенко М.К.

професор Булик Р.Є.

професор Гринчук Ф.В.

професор Давиденко І.С.

професор Дейнека С.Є.

професор Денисенко О.І.

професор Заморський І.І.

професор Колоскова О.К.

професор Коновчук В.М.

професор Пенішкевич Я.І.

професор Сидорчук Л.П.

професор Слободян О.М.

професор Ткачук С.С.

професор Тодоріко Л.Д.

професор Юзько О.М.

д.мед.н. Годованець О.І.

ISBN 978-966-697-543-3

© Буковинський державний медичний  
університет, 2019



may play a role in influencing the individual response to exogenous exposures in a complex “gene–environment” interaction [Hunter M., 2014; Iavicoli I., 2016].

The aim of this review is to critically examine available new literature data and results of authors research to provide a comprehensive overview on susceptibility aspects potentially affecting heterogeneous responses to hazards exposure and diseases development.

The epigenome is a dynamic mediator of gene expression that shapes the way that cells, tissues, and organisms respond to the environment. The structure and function of cells, tissues, and organism is determined by the differential expression of approximately 20 000 genes [Pruitt M. et al., 2009]. Initial studies in the emerging field of «toxicoepiggenetics» have described either the impact of an environmental exposure on the epigenome or the association of epigenetic signatures with the progression of disease; however, the majority of the pioneering studies examined the relationship between discrete epigenetic modifications and the effects of a single environmental factor [Bowers E., McCullough Sh., 2017]. However, the situation has changed in 2013 when the key role DNA methylation level was proved. Horvath and Hannum Epigenetic clocks show DNA methylation age of human tissues and cell types. It is an integrated and truly universal epigenetic biomarker of aging for lifespan and health span [Horvath S., 2018]. In this context the link with set of biochemical susceptibility markers such as methyltransferases and acetyltransferases became clear. Many toxicological and hygienic studies shows that susceptibility to xenobiotic exposure depends on activity level of N-acetyltransferase: pesticides exposure [Korotun.O.,Vlasyk L., 2014], cadmium intoxication [Kmet T., 2018] and many other. Most of the authors believed, that pathogenesis of that connected with participation of N-acetyltransferas a key enzyme in chain of detoxication mechanism. However, considering data above, participation of N-acetyltransferase in process of DNA methylation is considered to be important pathogenetical chain as well. This fact would also explain linking the activity level of N-acetyltransferase to development of diseases (bronchial asthma [Koloskova O., 2015] and many other) intoxications (nitrates [Korotun O., Vlasyk L., 2012] and so on) which are not pathogenically direct connected with acetylation themself.

It is also worth noting, that behavioral and lifestyle factors (such as diet, exercise, education and so on) were proven to be able to influence on DNA methylation age of human tissues and cell [Whitsel E., Horvath S., 2017], thus, genetically determined susceptibility could be modified.

Conclusions. Risk of a disease development, lifespan and healthspan in genetically susceptible population group can be modified by behavioral and lifestyle factors. The scientific studies of susceptibility biomarkers should include both genotype and phenotype research to reach proper validation and qualification.

**Кушнір О.В.**

**АСОЦІАТИВНІ ЗВ'ЯЗКИ ПОРУШЕНЬ КИШКОВОГО МІКРОБІОЦЕНОЗУ  
З ПОКАЗНИКАМИ ЛІПІДНОГО ОБМІНУ  
ТА СТРУКТУРНО-ФУНКЦІОНАЛЬНИМИ ЗМІНАМИ  
СУДИН БАСЕЙНУ ЧЕРЕВНОЇ АОРТИ  
У ХВОРИХ НА АРТЕРІАЛЬНУ ГІПЕРТЕНЗІЮ  
ЗАЛЕЖНО ПОЛІМОРФІЗМУ ГЕНА AGTR1 (A1166C)**

*Кафедра гігієни та екології*

*Вищий державний навчальний заклад України  
«Буковинський державний медичний університет»*

На сьогодні актуальними є дослідження генів-кандидатів есенційної артеріальної гіпертензії (ЕАГ) щодо ідентифікації маркерів індивідуальної схильності до супутніх патологічних змін кишкового мікробіоценозу, метаболічних порушень та структурно-функціональних змін артерій еластичного типу.

Метою досліджень було проаналізувати асоціативні зв'язки порушень кишкового мікробіоценозу з показниками ліпідного обміну та структурно-функціональними змінами



судин басейну черевної аорти у хворих на ЕАГ залежно поліморфізму гена рецепторів ангіотензину II I-го типу AGTR1 (A1166C).

Обстежено 104 хворих на ЕАГ I-III стадій тяжкості (48,1% жінок і 51,9% чоловіків, середній вік – 53,2±8,7 років) з використанням епідеміологічних, загальноклінічних, генетичних, мікробіологічних, статистично-аналітичних методів досліджень. Дослідження товщини "інтима-медіа" (ТІМ) черевної аорти та кровоплину у верхній мезентеріальній артерії (ВМА) вивчали за допомогою дуплексного сканування. Групу контролю склали 20 практично здорових осіб.

У хворих на ЕАГ II (n=42) і III (n=48) стадій дисбактеріоз II-IV ступеня виявляли у 95,1% і 95,9% випадків відповідно, що було вірогідно частіше ( $p < 0,001$ ), ніж у пацієнтів із ЕАГ I – 64,3%. За результатами дослідження порожнинної мікрофлори дистального відділу товстої кишки у носіїв СС-генотипу гена AGTR1 вірогідно частіше діагностували дисбактеріоз III, дещо менше IV ступенів тяжкості, ніж у хворих із А-алелем: відповідно 80% і 10% проти 51,1% і 22,3% ( $p = 0,004$ ). У хворих на ЕАГ II і III стадій спостерігали вірогідне зростання рівнів загального холестеролу (ЗХС), холестеролу ліпопротеїнів низької щільності (ХС ЛПНЩ), тригліцеридів (ТГ) та індексу атерогенності (ІА) у порівнянні з пацієнтами із ЕАГ I ст. та практично здоровими особами. Холестерол ліпопротеїнів високої щільності (ХС ЛПВЩ) вірогідно зменшувався зі збільшенням тяжкості ЕАГ: у хворих на ЕАГ III ст., як у жінок, так і чоловіків, проти таких із ЕАГ I ст. на 14,3% і 28,0% ( $p < 0,05$ ) відповідно. У пацієнтів із С-алелем гена AGTR1 спостерігали вірогідно більший ІА, ніж у носіїв АА-генотипу на 8,8% і 29,9% ( $p < 0,05$ ) відповідно. Аналіз кореляційних зв'язків тяжкості кишкового дисбіозу із показниками ліпідного обміну показав, що у хворих на ЕАГ III дисбіоз II-IV ступенів тяжкості мав достовірну залежність від плазмового рівня ЗХС та ХС ЛПНЩ ( $r = 0,60$ ,  $p = 0,005$  і  $r = 0,59$ ,  $p = 0,048$  відповідно). У носіїв С-алеля спостерігали вірогідний зв'язок тяжкості дисбіозу з ІА ( $r = 0,29-0,39$ ,  $p \leq 0,046-0,031$ ). Тяжкість дисбіозу прямо залежала від рівнів ЗХС і ХС ЛПНЩ у хворих на ЕАГ із СС-генотипом ( $r = 0,72$ ,  $p < 0,001$  і  $r = 0,67$ ,  $p = 0,001$  відповідно) та зворотно від умісту ХС ЛПВЩ ( $r = -0,55$ ,  $p = 0,012$ ). Тяжкість дисбіозу вірогідно прямо корелювала у хворих на ЕАГ II і III стадій із ТІМ черевної аорти ( $r = 0,64-0,80$ ,  $p \leq 0,04-0,001$ ). У хворих із СС-генотипом кінцево-діастолічна швидкість кровотоку у ВМА зворотно вірогідно корелювала із тяжкістю дисбіозу ( $r = -0,46$ ,  $p = 0,039$ ), а ЗХС і ХС ЛПНЩ плазми крові визначав величину ТІМ черевної аорти і швидкість кровоплину у ВМА та появу дисбіозу III ступеня тяжкості ( $r = 0,48-0,73$ ,  $p \leq 0,022-0,014$ ).

Виявлені асоціативні зв'язки є результатом реалізації генетично детермінованої схильності хворих на ЕАГ до розвитку важких дисбіотичних порушень, які виникають на фоні порушень ліпідного обміну, структурно-функціональних змін черевного відділу аорти та верхньої мезентеріальної артерії. Отримані дані вказують на можливість індивідуального генотип-залежного прогнозування імовірності важких дисбіотичних порушень у хворих на ЕАГ II і III стадій з метою забезпечення їх своєчасної профілактики.

**Масікевич А.Ю.**

## **САНІТАРНО-ГІГІЄНИЧНІ АСПЕКТИ ЕКОЛОГІЧНОЇ БЕЗПЕКИ ПОКУТСЬКО-БУКОВИНСЬКИХ КАРПАТ**

*Кафедра гігієни та екології*

*Вищий державний навчальний заклад України*

*«Буковинський державний медичний університет»*

Метою дослідження було вивчення санітарно-гігієнічних аспектів екологічної безпеки Покутсько-Буковинських Карпат, що характеризуються специфікою транскордонного положення, особливістю кліматичних умов, веденням традиційного господарства, тощо. Для досягнення мети вивчалися мікробіологічні та санітарно-гігієнічні показники основних компонентів середовища (повітря, ґрунту та води) гірських територій різного антропогенного навантаження. Серед методів дослідження: визначення біохімічного та