

# АКТУАЛЬНЫЕ ВОПРОСЫ СОВРЕМЕННОЙ МЕДИЦИНЫ И ФАРМАЦИИ

Материалы 70-й научно-практической  
конференции студентов  
и молодых учёных

В 2-х частях  
Часть II

25-26 апреля,  
2018 года



МИНИСТЕРСТВО ЗДРАВООХРАНЕНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ  
УО «ВИТЕБСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ ОРДЕНА ДРУЖБЫ НАРОДОВ  
МЕДИЦИНСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ»

# АКТУАЛЬНЫЕ ВОПРОСЫ СОВРЕМЕННОЙ МЕДИЦИНЫ И ФАРМАЦИИ

Материалы 70-й научно-практической конференции  
студентов и молодых учёных

**25-26 апреля 2018 года**

**В 2-х частях  
Часть II**



ВИТЕБСК, 2018 г.

УДК 61:378378:001 "XVI"  
ББК 5я431+52.82я431  
С 88

**Рецензенты:**

С.А. Кабанова, В.В. Кугач, С.П. Кулик, И.М. Лысенко, О.Д. Мяделец,  
И.В. Самсонова, В.М. Семенов, Г.И. Юпатов

**Редакционная коллегия:**

А.Т. Щастный (председатель),  
И.В. Городецкая, Н.Г. Луд, С.А. Сушков, О.М. Хишова, Ю.П. Чернявский

С 88 Актуальные вопросы современной медицины и фармации : материалы 70-й научно-практической конференции студентов и молодых учёных (Витебск, 25-26 апреля 2018 г.). В 2 ч. Ч. 2. / под ред. А. Т. Щастного. – Витебск : ВГМУ, 2018. – 570 с.

**ISBN 978-985-466-935-9**

В сборнике представлены материалы докладов, прочитанных на научно-практической конференции студентов и молодых ученых. Сборник посвящен актуальным вопросам современной медицины и включает материалы по следующим направлениям: медико-биологические науки, хирургические болезни, здоровая мать – здоровый ребёнок, офтальмология и оториноларингология, внутренние болезни, сердечно – сосудистые заболевания, инфекции, общественное здоровье и здравоохранение, гигиена и эпидемиология, анестезиология и реаниматология, стоматология, лекарственные средства, здоровый студент – здоровый врач – здоровая нация, социально – гуманитарные науки, иностранные языки, военная и экстремальная медицина, medical issues.

**ISBN 978-985-466-935-9**

**УДК 61:378378:001 "XVII"  
ББК 5я431+52.82я431**

© УО "Витебский государственный  
медицинский университет", 2018

иностранных студентов (66,8%), проживающих в общежитии, показывает, что данная группа студентов умеет правильно регулировать свои чувства и действия.

#### **Литература:**

1.Р.В. Куприянов, доц. Ю.М. Кузьмина Психодиагностика стресса: практикум/ сост. Р.В. Куприянов, Ю.М. Кузьмина; М-во образ. и науки РФ, Казан. гос. технол. ун-т. - Казань: КНИТУ, 2012. – 212 с.

2.Фетискин Н.П. Диагностика социально-психологической адаптации (К. Роджерс, Р. Даймонд) / Фетискин Н.П., Козлов В.В., Мануйлов Г.М. Социально-психологическая диагностика развития личности и малых групп. – М., Изд-во Института Психотерапии. 2002. С.193-197.

### **ФУНКЦИОНАЛЬНАЯ ГЕННАЯ СЕТЬ АДДИКТИВНОГО ПОВЕДЕНИЯ**

Марцинкевич Я.С. (5 курс, лечебного факультета)  
Научные руководители: Уселёнок Г.О., Марцинкевич А.Ф.

УО «Витебский государственный медицинский университет», г. Витебск

**Актуальность.** Концепция генных сетей подразумевает под собой существование обособленных групп генов, кодирующих белки со сходными биологическими свойствами или функциями. Существование генных сетей представлялось само собой разумеющимся достаточно долгое время, однако возможность их идентификации и анализа появилась относительно недавно, вместе с бурным ростом вычислительных мощностей и объемов устройств для обработки и хранения информации. В результате на стыке многих отраслей возникло междисциплинарное научное направление, известное как системная компьютерная биология. Одной из ее целей является реконструкция генных сетей, осуществляемая при помощи различных математических методов, таких как нелинейная динамика, моделирование случайных и параллельных процессов, теория графов.

Информация, полученная в ходе анализа генных сетей, может иметь важное практическое значение и находит свое применение в разработке новых лекарственных средств, методов диагностики и лечения широкого спектра заболеваний. Одним из перспективных направлений исследований, по мнению авторов, является изучение взаимосвязей генов, определяющих различные виды зависимостей.

Таким образом, **целью** настоящей работы является построение генной сети, определяющей аддиктивное поведение человека.

**Материалы и методы исследования.** В ходе выполненного анализа гены рассматривались в качестве элементарных структур, взаимодействие которых необходимо определить и оценить. Генная сеть была построена на основе сведений базы данных DAVID [1] с использованием информации о дифференциальной экспрессии заданных генов.

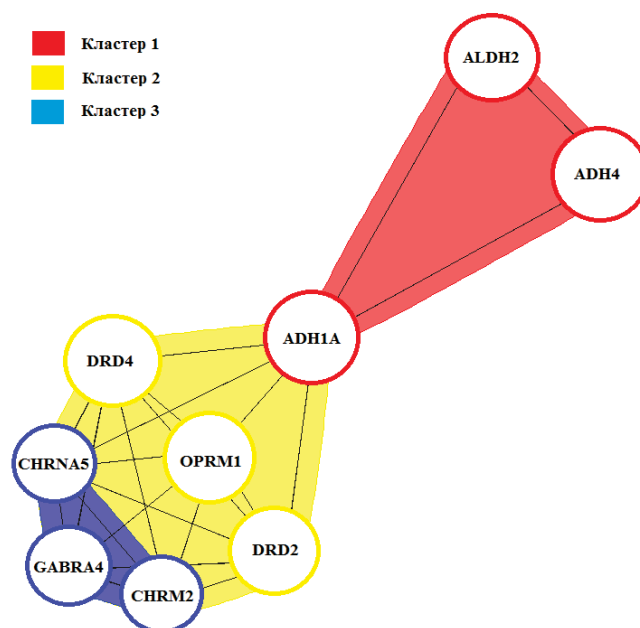
При проведении исследования была проведена реконструкция генной сети, определяющей аддиктивное поведения человека в ответ на различные химические стимулы, такие как алкоголь или психоактивные вещества (ПАВ). В качестве генов-кандидатов были выбраны следующие [2]:

- CHRM2 (кодирует мускариновый ацетилхолиновый рецептор M2, который в некоторых исследованиях связывается с возможностью социальной адаптации и развитием тяги к алкоголю)

- CHRNA5 (ген никотинового ацетилхолинового рецептора A5, во многом обуславливает расположенность к никотиновой зависимости)
- ADH1A и ADH4 (гены, кодирующий алкогольдегидрогеназу 1A и 4, соответственно, и принимающие прямое участие как в метаболизме этанола, так и в формировании зависимости к нему)
- DRD2 и DRD4 (гены рецепторов дофамина, которые по мнению некоторых исследователей определяют дисфункцию нейротрансмиттерной системы мозга и участвуют в развитии зависимости от разных видов ПАВ)
- GABRA4 (ген, кодирующий рецепторы ГАМК, и связанный как с социальным поведением, так и с возникновением зависимости от алкоголя)
- ALDH2 (ген, кодирующий митохондриальную альдегиддегидрогеназу, фермент, принимающий участие в утилизации ацетальдегида, накопление которого определяет токсикологическую картину отравления этанолом и выполняет, своего рода, тормозную функцию вследствие развития дисфории и прочих эмоционально-негативных симптомов – показано, что низкая активность альдегиддегидрогеназы может предупреждать злоупотребление алкоголем)
- OPRM1 (ген, кодирующий опиатные  $\mu$ -рецепторы и, посредством взаимодействия с дофаминовой системой, участвующий в формировании зависимости от опиатов, никотина, кокаина и алкоголя)

Статистическая обработка данных проводилась при помощи программной среды R 3.4.3 [3], построение и анализ модели генной сети выполнялось с использованием пакета *FGNet*. Тестирование гипотезы о статистически значимом взаимодействии генов осуществлялось на основе модифицированного точного критерия Фишера. Различия считались значимыми при  $p < 0,05$ .

**Результаты исследования.** Исходя из полученных результатов, все анализируемые гены имеют статистически значимую взаимную экспрессию и формируют три сообщающиеся группы. Гены, отвечающие за метаболизм этанола (ADH1A, ALDH2 и ADH4) образуют обособленный кластер, в то время как гены ацетилхолиновых рецепторов и рецепторов ГАМК (CHRM2, CHRNA5 и GABRA4), являясь отдельной группой, также включены в кластер генов дофаминовых и опиатных рецепторов (DRD2, DRD4 и OPRM1). Расстояние (в условных единицах) между кластером 1 и 2 – 0,89; между кластером 1 и 3 – 1; между кластером 2 и 3 – 0,57. Структурно-функциональная организация построенной генной сети представлена на рисунке 1.



**Рисунок 1.** Структурно-функциональная организация генной сети.

Полученная модель была построена в ходе разведочного анализа и представляет собой простейший способ изучения генных сетей, но, в то же время, дает важную информацию о существовании генов с совместной экспрессией, дальнейшее изучение которых может помочь глубже понять механизм формирования аддитивного поведения.

#### **Выводы.**

1. В ходе исследования построена генная сеть, состоящая из 3 кластеров взаимосвязанных генов.

2. Перспективным продолжением исследования может быть построение регуляторных сетей, включающих в себя гены, РНК, белки, а также небелковые молекулы и взаимодействия между указанными объектами.

#### **Литература:**

1. DAVID Bioinformatics Resources 6.8 – Laboratory of Human Retrovirology and Immunoinformatics (LHRI) [Electronic resource]. – Mode of access: <https://david.ncifcrf.gov>. – Date of access: 21.02.2018.

2. Khokhar, J.Y. Pharmacogenetics of drug dependence: role of gene variations in susceptibility and treatment / J.Y. Khokhar [et al.] // Annu Rev Pharmacol Toxicol. – 2010. – № 50. – P. 39–61.

3. The R Project for Statistical Computing [Electronic resource]. – Mode of access: <http://www.r-project.org>. – Date of access: 01.02.2018.