

МОРФОЛОГІЧНА ХАРАКТЕРИСТИКА ЗОБНО-ГЛОТКОВОЇ ПРОТОКИ ЯК МОЖЛИВОГО ЕМБРІОНАЛЬНОГО ДЖЕРЕЛА РОЗВИТКУ СЕРЕДИННИХ КІСТ ШИЇ

Старченко І.І., Ткаченко П.І., Білоконь С.О.
Українська медична стоматологічна академія

Попри те, що на сьогодні достовірно встановлено, що серединні кісти шиї (СКШ) є дизонтогенетичними утвореннями, і в теперішній час серед науковців відсутня єдина думка стосовно ембріональних джерел їх розвитку. Так, переважна більшість дослідників пов'язує походження СКШ з персистенцією щито-язичної протоки, однак частина вчених не виключає можливості їх розвитку із зобно-глоткової протоки (ЗГП).

Метою нашого дослідження стало вивчення будови ЗГП та співставлення отриманих результатів з даними щодо будови епітеліальної вистилки СКШ.

Матеріал і методи. Робота виконана на головних частинах 10 плодів людини 18-20 тижнів гестації. Для вивчення топографії і будови ЗГП використовували гістотопографічні шліфи їх язиків з наступним виготовленням з них напівтонких зрізів, забарвлених поліхромним барвником за власною оригінальною методикою.

Результати дослідження показали, що на 18-20 тижнях внутрішньоутробного періоду розвитку людини на гістотопографічних шліфах язиків ЗГП зазвичай представлена системою вистелених епітелієм протокових розгалуджень різного діаметру, розташованих в ділянці кореня язика, а клітинний склад слизової оболонки її епітелія різниться у розгалудженнях різних розмірів. Так, в більших з них слизова оболонка вкрита багаторядним поліморфнофункціональним епітелієм, який дещо нагадує епітелій дихальних шляхів. Серед його клітинних елементів завжди зустрічалися досить великі, витягнуті епітеліоцити з війками на апікальній поверхні; дещо рідше – епітеліоцити, подібні за формою та розміром до попередніх, але без війок; базальні клітини, апікальна поверхня яких не досягає просвіту протокових структур. В дрібних розгалудженнях ЗГП клітинний склад епітелія дещо нагадував такий в дрібних міждолькових вивідних протоках великих слинних залоз. Зокрема, в ньому чітко простежувалось двошарове росташування клітин: внутрішній шар – епітеліоцити призматичної форми, а зовнішній – клітинні елементи, подібні міоепітеліоцитам.

В свою чергу, згідно літературних даних і результатів наших власних попередніх досліджень, епітеліальна вистилка СКШ в типових випадках представлена багато- або одношаровим плоским епітелієм, що, як відомо, може розвиватися шляхом метаплазії з війчастого, особливо в умовах хронічного запального процесу, морфологічні ознаки якого досить часто зустрічаються в стінці СКШ. В той же час, деякі дослідники вказують на наявність в стінках СКШ ділянок війчастого епітелія та окремих структур, що за будовою нагадують щитоподібну залозу або малі слинні залози.

Висновок. Таким чином, результати проведеного дослідження підтверджують думку про те, що зобно-глоткова протока може розглядатися як ймовірне ембріональне джерело розвитку серединних кіст шиї у людини.

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ПАТТЕРНА РАСПРЕДЕЛЕНИЯ nNOS В СОСУДИСТОМ И ТКАНЕВОМ КОМПАРТМЕНТАХ АРКУАТНОГО ЯДРА ГИПОТАЛАМУСА

Тищенко С.В., Каджарян Е.В.

Научные руководители: проф. Колесник Ю.М., проф. Ганчева О.В.

Запорожский государственный медицинский университет

Актуальность. Нейрональная NOS (nNOS) конституционально экспрессируется в специфических нейронах головного мозга и причастна к модуляции физиологических функций, таких как обучение, память и нейрогенез. В центральной нервной системе опосредует долгосрочную регуляцию синаптической передачи. Так же существует доказательство того что блокада активности nNOS в продолговатом мозге и гипоталамусе приводит к системной гипертензии. Известно, что одной из основных структур гипоталамуса, участвующей в регуляции АД является аркуатное ядро гипоталамуса (АрЯ)..

Целью нашего исследования было установить паттерн распределения нейрональной NOS с учетом ее локализации в тканевом или сосудистом компартментах аркуатного ядра гипоталамуса.

Материалы и методы. Исследования были проведены на 10 животных. Объектом исследования у крыс был мозг. При использовании иммуногистохимического метода были получены микроизображения нейронов аркуатного ядра с иммунореактивным материалом (ИРМ) к nNOS.

В ходе автоматической обработки изображений рассчитывались индекс накопления ИРМ в площади исследованной структуры ($E_{\text{ИФ}}/\text{мкм}^2$), и удельной площади ИРМ (%) к nNOS. На основании исследуемых показателей был составлен паттерн экспрессии nNOS в аркуатном ядре гипоталамуса.

Анализ и обсуждение полученных результатов. В ходе проведенного иммуногистохимического исследования распределения nNOS в аркуатном ядре гипоталамуса были установлены следующие особенности. Во-первых, экспрессия ИРМ фермента зависела от принадлежности к определенному компартменту: в тканевом она была слабо выражена, характеризовалась диффузным распределением практически по всему аркуатному ядру, тогда как в сосудистом – иммунореактивный материал располагался локально, чаще в виде единичных интенсивно «светящихся» фрагментов, либо в виде короткой цепочки. Во-вторых, в тканевом компартменте, представленным в основном мелкоклеточными нейронами, nNOS была диффузно распределена преимущественно субмембранно, а в перинуклеарном пространстве ИРМ к ферменту практически не выявлялся. В-третьих, в ядре встречались нейроны с разной интенсивностью экспрессии nNOS среди которых были и клетки его не содержащие. По-видимому, это связано с разными фазами функциональной активности нейронов исследуемой структуры. Сравнительный статистический анализ особенностей распределения nNOS в тканевом и сосудистом компартментах позволил нам установить, что концентрация ИРМ к nNOS в сосудистом компартменте была более чем на 40 % достоверно выше, чем в тканевом. Содержание ИРМ имело обратную динамику – в тканевом превышало показатели сосудистого более чем на 65 %.

Таким образом, проведенные исследования позволяют нам констатировать, что паттерн экспрессии nNOS в аркуатном ядре гипоталамуса характеризуется распределением в двух компартментах сосудистом и тканевом, уровень ее экспрессии зависит от локализации и функциональной активности нейронов.

РІВЕНЬ ЕКСПРЕСІЇ мРНК ГЛЮКОКОРТИКОЇДНИХ РЕЦЕПТОРІВ NR3C1 І β -АДРЕНЕРГІЧНИХ РЕЦЕПТОРІВ ADRB2 У КИШКОВО-АСОЦІЙОВАНІЙ ЛІМФОЇДНІЙ ТКАНИНІ В УМОВАХ ХРОНІЧНОГО СОЦІАЛЬНОГО СТРЕСУ

Топол І.О., Камишний О.М.

Запорізький державний медичний університет

Вступ. Хронічний соціальний стрес (ХСС) є невід'ємною частиною сучасного життя. Стрес-індукована імунна дизрегуляція призводить до значних негативних наслідків для здоров'я, збільшуючи ризик розвитку вірусних інфекцій, хронічних автоімунних і запальних захворювань. Головними ефекторними гормонами під час стрес-реакції є глюкокортикоїди (ГК) та катехоламіни (КХ), а зміни рівня експресії їх рецепторів Nr3c1 і Adrb2 можуть призводити до резистентності к ГК та КХ і пояснити превалювання про-запальної сигналізації в умовах ХСС всупереч класичній парадигмі стресу. Відомо, що імунокомпетентні клітини мають рецептори до ГК і КХ. Завдяки цій обставині можливий прямий вплив гормонів і медіаторів на елементи імунної системи та їх участь в регуляції імунної відповіді при ХСС. Тому **метою** даного дослідження було вивчення експресії мРНК NR3C1 і Adrb2 в КАЛТ в умовах ХСС у щурів лінії Wistar.

Матеріали та методи. Дослідження проводили на самках щурів лінії Wistar, які були розділені на три експериментальні групи: контрольні щури (група 1); щури, яким моделювали ХСС1 шляхом трьохтижневої соціальної ізоляції і тривалого психоемоційного впливу (група 2); щури, яким моделювали ХСС2 шляхом утримання тварин у перенаселених клітках із щоденною зміною угруповання (група 3). Для визначення рівня експресії мРНК генів NR3C1 та Adrb2 проводили ЗТ-ПЛР в реальному часі на ампліфікаторі CFX96™ Real-Time PCR Detection Systems («Bio-Rad Laboratories, Inc.», США). Відносний рівень експресії вищевказаних генів оцінювали за методом $\Delta\Delta C_t$, нормалізуючи за референс-геном GAPDH. Статистичну обробку отриманих даних виконували з використанням пакета прикладних програм «Bio-Rad CFX Manager 3.1» (Bio-Rad, США).

Результати. Дослідження експресії Nr3c1 та Adrb2 в КАЛТ клубової кишки показало, що розвиток ХСС призводив до значного зниження вмісту мРНК досліджуваних генів (Nr3c1 - в 3,1 рази ($p < 0,05$) при ХСС1 та в 10 разів ($p < 0,01$) при ХСС2 (Рис. 1А); Adrb2 - в 12,5 разів ($p < 0,02$) при ХСС1 та в 10,1 разів ($p < 0,01$) у випадку ХСС2 (Рис. 1Б)) порівняно з контрольною групою щурів.