

**МІНІСТЕРСТВО ОХОРОНИ ЗДОРОВ'Я УКРАЇНИ  
БУКОВИНСЬКИЙ ДЕРЖАВНИЙ МЕДИЧНИЙ УНІВЕРСИТЕТ»**



## **МАТЕРІАЛИ**

**105-ї підсумкової науково-практичної конференції  
з міжнародною участю  
професорсько-викладацького персоналу  
БУКОВИНСЬКОГО ДЕРЖАВНОГО МЕДИЧНОГО УНІВЕРСИТЕТУ  
присвяченої 80-річчю БДМУ  
05, 07, 12 лютого 2024 року**

Конференція внесена до Реєстру заходів безперервного професійного розвитку,  
які проводитимуться у 2024 році № 3700679

**Чернівці – 2024**

УДК 001:378.12(477.85)

ББК 72:74.58

М 34

Матеріали підсумкової 105-ї науково-практичної конференції з міжнародною участю професорсько-викладацького персоналу Буковинського державного медичного університету, присвяченої 80-річчю БДМУ (м. Чернівці, 05, 07, 12 лютого 2024 р.) – Чернівці: Медуніверситет, 2024. – 477 с. іл.

ББК 72:74.58

У збірнику представлені матеріали 105-ї підсумкової науково-практичної конференції з міжнародною участю професорсько-викладацького персоналу Буковинського державного медичного університету, присвяченої 80-річчю БДМУ (м. Чернівці, 05, 07, 12 лютого 2024 р.) із стилістикою та орфографією у авторській редакції. Публікації присвячені актуальним проблемам фундаментальної, теоретичної та клінічної медицини.

Загальна редакція: професор Геруш І.В., професорка Грицюк М.І., професор 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.

професорка Денисенко О.І.

професор Заморський І.І.

професорка Колоскова О.К.

професор Коновчук В.М.

професор Пенішкевич Я.І.

професорка Хухліна О.С.

професор Слободян О.М.

професорка Ткачук С.С.

професорка Годоріко Л.Д.

професор Юзько О.М.

професорка Годованець О.І.

ISBN 978-617-519-077-7

© Буковинський державний медичний  
університет, 2024

**Conclusions.** Consequently, genotypes and alleles of *VDR* (rs2228570) gene are not associated with the risk of developing EH in the examined. *C*-allele of *AGTR1* gene (rs5186) increases the risk of hypertension more than 2 times [OR=2.31; p=0.011]. Combination of minor *C*-allele of *AGTR1* gene and *A*-allele of *VDR* gene (*C*-allele *AGTR1* /*AA*<sub>*VDR*</sub>+*C*-allele *AGTR1*/*AG*<sub>*VDR*</sub>) escalates the risk of EH more than 3 times [OR=3.36; p=0.015].

**Sydorchuk L.P.**

### **LINKAGE OF BLOOD PRESSURE VALUES WITH NOS3 (rs2070744) AND GNB3 (rs5443) GENES POLYMORPHISMS IN THE NORTH-BUKOVINIAN POPULATION**

*Department of Family Medicine  
Bukovinian State Medical University*

**Introduction.** Essential arterial hypertension (EAH) is one of the most common cardiovascular disease worldwide (4.3 million / person / year). Therefore, early detection and correction of risk factors including elevated blood pressure (BP) is important for effective secondary prevention of EAH.

**The aim of the study:** was to investigate the association of EAH severity with genes polymorphism of the endothelial nitric oxide synthase (*NOS3*, rs2070744) and guanine nucleotide-binding protein beta-3 (*GNB3*, rs5443) in Bukovina region.

**Materials and methods.** One hundred patients with EAH and target-organ damaging (2<sup>nd</sup> stage), moderate, high or very high cardiovascular risk were involved in the case-control study. Among them were 79.0% (79) women and 21.0% (21) men. Their average age was 59.87±8.02; disease duration from 6 to 25 years. All participant underwent clinical and laboratory examinations. Blood pressure (BP), Creatinine, glucose, lipids panel were studied. *GNB3* (rs5443) and *NOS3* (rs2070744) genotyping performed by TaqMan probes (CFX96™Real-Time PCR). Risk assessed by Relative Risk, Odds Ratio and 95% Confidential intervals. All enrolled /examined patients signed the Informed Consent to participate in the study. Control group included 48 practically healthy individuals of relevant age.

**Results.** A mutation of the *NOS3* gene (786T>C, rs2070744) and the *GNB3* gene (825C>T, rs5443) in the homozygous state in the West-Ukrainian population suffers from EAH occurs with a frequency of 16.67% and 8.33%, with no differences with the control subjects (p>0.05). In both groups dominate the *T*-allele of the *NOS3* gene and the *C*-allele of the *GNB3* gene: in patients by 12.5% ( $\chi^2=4.50$ ; p=0.034) and 41.66% ( $\chi^2=50.0$ ; p<0.001), in the control – by 25.0% ( $\chi^2=12.0$ ; p<0.001) and 40.0% ( $\chi^2=33.33$ ; p<0.001), respectively. The results of the binary logistic regression analysis did not confirm the prediction of the EAH appearance by polymorphic variants of the *NOS3* (rs2070744) and *GNB3* (rs5443) genes. However, the *TT* genotype of the *GNB3* gene (rs5443) increases unreliably the EAH risk almost twice as likely [OR=2.0; OR 95%CI:0.40-10.82; p>0.05]. Epidemiological analysis did not confirm the association of the *NOS3* gene with the EAH severity. But *T*-allele of the *GNB3* gene increases the probability of high normal BP almost 5 times [OR=4.86; OR 95%CI:0.99-24.75; p=0.042].

**Conclusion.** Thus, the *NOS3* (rs2070744) and *GNB3* (rs5443) genes polymorphisms are not associated with blood pressure values and EAH severity as well.

**Vasiuk V.L.**

### **MICROBIOTA OF THE GUT, DYSBIOSIS AND IT'S CORRECTION: STATE OF THE PROBLEM**

*Department of Propedeutics of Internal Diseases  
Bukovinian State Medical University*

**Introduction.** The complex interplay between the gut microbiota and IBD is an area of great interest for understanding disease pathogenesis and developing new treatments. Microbiota composition in the human's gut can be affected both by endogenous and exogenous factors. Interactions with the immune system and intestinal epithelial cells, influence of concomitant pathology are internal ones, second group includes medications, surgery, diet, harmful habits.