

5. Harutyunyan, H Biological effects of static electric field: plasma/serum proteome analysis of rats / H. Harutyunyan, G. Artsruni. // Electromagnetic Biology and Medicine – 2013. – Vol.32. – P. 79-94.
6. Harutyunyan H., Mkrtchyan V. et al. Biological effects of electrostatic field: effects of in vivo and in vitro exposures to electrostatic field on some hematological parameters in rats // Bioelectromagnetics. 2016. V.37, P. 513-526

УДК 577.1.575.224/33

ПРОБЛЕМЫ И ПЕРСПЕКТИВЫ ПРЕПОДАВАНИЯ БИОХИМИИ

А.А.Чиркин

*Витебский государственный университет имени П.М. Машерова, Витебск,
Беларусь*

Резюме. В статье рассмотрен 40-летний опыт преподавания биохимии автором статьи в учреждениях среднего и высшего образования. Для преодоления противоречия между бурным накоплением знаний о химии жизни и введением их в учебный процесс автор предлагает усилить роль информационных технологий. Практическую подготовку студентов следует вести в специализированных учреждениях научно-производственных кластеров. Целесообразно к созданию учебных пособий по биохимии и молекулярной биологии привлекать ведущих специалистов.

PROBLEMS AND PROSPECTS IN TEACHING BIOCHEMISTRY

A.A.Chirkin

Vitebsk State University named after P.M. Masherov, Vitebsk, Belarus

Summary. The article summarizes 40 -year experience of teaching biochemistry by the author at institutions of secondary and higher education. To overcome the contradiction between the rapid accumulation of knowledge about the chemistry of life and its introduction into the educational process, the author proposes to strengthen the role of information technologies. Practical training of students should be conducted at specialized institutions of scientific and production clusters. It is expedient to involve leading experts in work at biochemistry and molecular biology textbooks. .

Введение. В последние десятилетия сформировалось острое противоречие между развитием физико-химических методов исследования живых систем и накоплением огромных массивов новой информации о химических и биологических процессах в них, с одной стороны, и запаздыванием обработки и включения этой информации в образовательные программы первой и второй ступеней высшего образования, с другой. В развитии молекулярно-биологических технологий во второй половине XX века и начале текущего века

условно можно выделить несколько периодов: в 1951-1970 годах были внедрены методы рентгеноструктурного анализа белков и ДНК, жидкостного сцинтилляционного определения радиоактивности, ультрацентрифугирования макромолекул, структурной организации макромолекул, гибридизации нуклеиновых кислот, электрофореза в полиакриламидном геле, хроматографических методов анализа, исследования кинетики ферментов; на протяжении 1971-1990 годов широкое распространение получили рестрикционный анализ ДНК, клонирование генов, двумерный гелевый электрофорез, Саузерн-блот анализ, использование моноклональных антител и иммуноферментный анализ, секвенирование белка и нуклеиновых кислот, сайт-специфический мутагенез, автоматизированный синтез олигонуклеотидов (зонды, праймеры), полимеразная цепная реакция, трансгенные растения и животные, электрофорез в пульсирующем электрическом поле, сканирующая туннельная микроскопия; начиная с 1991 года по настоящее время были выполнены уникальные международные проекты «Геном человека», «1000 геномов», «ENCODE» и др., внедрены атомно-силовая микроскопия, выключение генов, исследование динамики одиночных молекул, анализ генов с помощью микрочипов и протеома с помощью масс-спектрометрии, а также новые технологии секвенирования, созданы методы использования тотипотентных, плюрипотентных, мультипотентных и олигопотентных стволовых клеток, внедрены иммунопреципитационные алгоритмы секвенирования хроматина, ЯМР *in vivo* и др. Лавинообразное развитие технологий исследования генома и протеома привело к запаздыванию введения последних достижений биохимии и молекулярной биологии в программы подготовки специалистов медико-биологического профиля. Достаточно вспомнить, что за время обучения в школе нынешних студентов время определения генома человека сократилось с 13 лет до одного месяца, а стоимость такого анализа упала с 6 миллиардов долларов до 1000 долларов [1]. Очевидно, что простое введение массивов новых данных, полученных в последние годы, просто затруднительно и не снимет это противоречие. Поэтому основной задачей автора в этой статье, является анализ собственного 40-летнего опыта преподавания биохимии, с целью разрешения возникшего противоречия между темпами научного прогресса и развитием образовательных технологий [2].

Материал и методы исследования. Объектом исследования следует считать формирование у студентов компетенций – комплекса теоретических знаний и практических умений - в области биохимии и смежных наук в процессе обучения на первой и второй ступенях высшего медицинского и биологического образования. Предметом исследования явилась постановка вопросов об: оптимизации количества студентов в подгруппах, оценке динамики мнений студентов о формах изучения дисциплины, соответствии учебных программ состоянию развития знаний о химии жизни, дидактических материалах для изучения биохимии, особенности изучения дисциплины на первой и второй ступенях высшего образования, подготовке специалистов-

биохимиков по запросам учреждений образования и предприятий реального сектора экономики. Возможным путем частичного решения возникшего противоречия предлагается введение в образовательный процесс методологий вычислительной биологии. В работе проанализированы особенности преподавания биохимии в медицинском и биологическом университетах в интервале 1978-2018 годы.

Результаты исследования и их обсуждение.

Стартовым стимулом для проведения данного исследования послужил анализ мнений студентов о преподавании биохимии в конце 70-х годов прошлого века и в первом десятилетии XXI века [3]. Оказалось, что последовательность наиболее трудных для усвоения тем сохранилась. Но если студенты конца 70-х годов использовали в основном записанные лекции, то более 40% современных студентов требуют списки дополнительной литературы и пользуются качественными учебниками. Современные студенты больше заботятся о своей практической подготовке. На первое место они ставят компьютерные технологии обучения и увеличение количества работ по УИРС, учитывая их практическую направленность применительно к будущей профессии, а также использование мультимедийных технологий и желание слушать не одного, а разных лекторов.

Другая важная проблема – это оптимальное количество студентов в подгруппе для изучения биохимии. В конце прошлого века было проведено 9-летнее исследование, которое позволило установить тесную отрицательную корреляционную зависимость между количеством студентов в учебной группе и величиной среднего балла ($r=-0,786$, $p<0,001$), а также количеством отличных отметок ($r=-0,786$, $p<0,001$); выявлена тесная положительная корреляционная зависимость между количеством студентов в учебной группе и количеством удовлетворительных ($r=0,799$, $p<0,001$) и неудовлетворительных ($r=0,618$, $p<0,001$) отметок. Экстраполяция полученных результатов показала, что при изучении фундаментальных дисциплин в учебной подгруппе из 4-х студентов следует ожидать средний балл 4,5 (по пятибалльной системе), а в группе из 16 студентов – 3,5. Полученные результаты особенно важны для системы высшего медицинского и биологического образования, реформируемых в направлении усиления практической подготовки будущих врачей и биологов в непрерывной связи с углублением их знаний по фундаментальным дисциплинам. Традиционно считают, что лабораторная подготовка студентов-медиков и биологов преследует решение двуединой задачи: во-первых, это способ оживления (мотивации) и углубления изучаемого теоретического материала и, во-вторых, это путь приобретения необходимых для профессиональной деятельности практических лабораторных навыков [4].

В становлении электронных средств обучения большую роль играла теория программированного обучения, опирающаяся на теорию управления и теорию поэтапного формирования умственных действий. В биологической химии имеется гипотеза адаптера, которая объясняет механизм трансляции, т.е. биосинтеза белка. В процессе трансляции необходимо трехбуквенный код

иРНК перевести в 20-буквенный язык белков. Между кодирующей белок иРНК и синтезируемым белком нет комплементарных взаимоотношений. Перевод информации осуществляется с помощью молекул-адаптеров: аминоктил-тРНК, которые в одной части молекулы имеют участок “антикодон”, который комплементарен кодону иРНК, а на 3'-конце молекулы содержат соответствующую генетическому коду аминокислоту. Вставочные молекулы и процессы обеспечивают индивидуализацию передачи информации. Принцип адаптера (компьютера) может быть использован и в технологиях индивидуализированного обучения студентов.

Технология любого типа обучения требует постоянного взаимодействия в системе учитель – обучаемый. В процессе 135-минутного лабораторного занятия в группе из 12 человек на такое взаимодействие удастся уделить не более 10 минут. При работе со студентами, имеющими разный исходный уровень знаний, а также при изучении фундаментальных дисциплин, основанных на абстрактно-предметном типе мышления (например, биохимии, физиологии, фармакологии и др.), требующих дополнительного времени на написание формул, последовательности химических превращений веществ или процессов, этого времени недостаточно. Это ведет к постепенному отставанию студента по темпу и объему изучаемого материала. Данный недостаток преподаватели пытаются устранить путем упрощений и сокращений в изучении программных вопросов, что в конечном итоге негативно сказывается на конкурентной способности подготавливаемого специалиста.

Итак, компьютерные технологии могут выполнять функцию адаптерной системы для обеспечения индивидуализации обучения. В процессе самоподготовки к лекциям и лабораторным занятиям студенты могут использовать информационные пособия и Интернет. В процессе лекционного занятия требуется использование мультимедийных технологий и слайдовых презентаций. На лабораторном занятии требуется 30-40% учебного времени уделить работе с компьютером: входной и выходной контроли, обучающие программы, программы обеспечения лабораторных работ, открытые компьютерные программы с целью конструирования биохимических процессов. Все эти типы программ функционируют в диалоговом режиме. Поскольку в них заложен интеллектуальный потенциал преподавателей кафедры, то фактически это модель взаимодействия преподавателя с обучаемым.

Однако все вышеизложенное не позволило кардинально изменить сущность противоречия между стремительным накоплением новой химико-биологической информации и её отображением в образовательном процессе. Очевидно, что такое противоречие невозможно разрешить без широкого внедрения информационных технологий в учебный процесс. Хемоинформатика это научная дисциплина, возникшая за последние 40 лет в пограничной области между химией и вычислительной математикой. За это время были разработаны методы для построения баз данных по химическим соединениям и реакциям, для прогнозирования физических, химических и биологических свойств

соединений и материалов, для поиска новых лекарственных препаратов, анализа спектральной информации, для предсказания хода химических реакций и планирования органического синтеза. С хемоинформатикой тесно связана биоинформатика - совокупность методов и подходов, включающих в себя: математические методы компьютерного анализа в сравнительной геномике (геномная биоинформатика); разработку алгоритмов и программ для предсказания пространственной структуры биополимеров (структурная геномика); управление биологическими системами. В биоинформатике используются методы прикладной математики, информатики и статистики. Биоинформатические методы анализа широко используются в биохимии, биофизике, экологии и в других научно-практических областях биологии, медицины, фармации. Наиболее часто используемыми инструментами и технологиями в этой области являются языки программирования, базы данных, пакеты прикладных программ для решения задач технических вычислений и электронные таблицы.

Главной целью биоинформатики является понимание биологических процессов в условиях лавинообразного создания и внедрения новых методов исследования живой материи путем применения интенсивных вычислительных методов, технологий распознавания образов, алгоритмов машинного обучения и визуализации биологических молекулярно-генетических данных. Основные усилия исследователей направлены на решение задач выравнивания последовательностей, поиска генов, расшифровки генома, конструирования лекарств, предсказания структур макромолекул, регуляции экспрессии генов и белок-белковых взаимодействий, полногеномного поиска ассоциаций и моделирования эволюции. Обработка гигантского количества данных, получаемых при секвенировании, является одной из важнейших задач биоинформатики. Более того, биоинформатика помогает связать геномные и протеомные проекты. Начиная с 1995 года, интенсивно развивается процесс маркировки генов и других объектов в последовательности ДНК. Большинство современных систем аннотации генома работают сходным образом, но постоянно меняются и совершенствуются. Биоинформатика вносит существенный вклад в развитие эволюционной биологии посредством: изучения эволюции большого числа организмов, измеряя изменения параметров ДНК; сравнения целых геномов, что позволяет изучать эволюционные события типа дупликации генов, их горизонтального переноса и др.; построения компьютерных моделей популяций, чтобы предсказать поведение системы во времени; систематизированного отслеживания публикаций, содержащих информацию о большом количестве видов живых организмов.

Особенностью современных методов анализа биологических молекул и процессов является пространственная и цветовая их характеристика. Для этого создан ряд программ, требующих внедрения в современный образовательный процесс. RuMOL - свободная система молекулярной визуализации, которая позволяет создавать высококачественные трёхмерные изображения мелких

молекул и биологических макромолекул. Примерно четверть всех публикуемых структур белков в научной литературе сделана с помощью PyMOL. Unipro UGENE - свободное биоинформационное программное обеспечение, представляющее собой графический интерфейс для работы с последовательностями, аннотациями, множественными выравниваниями, филогенетическими деревьями, данными секвенирования (NGS) и т. д. Включает поиск в онлайн базах данных NCBI, PDB, UniProtKB/Swiss-Prot, UniProtKB/TrEMBL, серверы DAS; использование программ ClustalW, ClustalO, MUSCLE, Kalign, MAFFT, T-Coffee; BLAST; REBASE; интегрированный пакет Primer3 для дизайна ПЦР-праймеров; клонирование *in silico*; анализ RNA-Seq данных с помощью TopHat и инструментов Cufflinks; поиск сайтов связывания транскрипционных факторов с использованием весовых матриц или алгоритма SITECON; построение филогенетических деревьев (с помощью PHYLIP Neighbor Joining, MrBayes или PhyML Maximum Likelihood), редактирование деревьев и многое другое. В настоящее время выделяется направление преподавания «Молекулярное моделирование» - собирательное название методов исследования структуры и свойств молекул вычислительными методами с последующей визуализацией результатов, обеспечивающие их трехмерное представление при заданных в расчете условиях. Общей чертой методов молекулярного моделирования является атомистический уровень описания молекулярных систем - наименьшими частицами являются атомы или небольшие группы атомов. В этом состоит отличие молекулярного моделирования от квантовой химии, где в явном виде учитываются и электроны.

В биохимии и молекулярной биологии широко используются доступные банки данных. Protein Data Bank, PDB - банк данных трёхмерных структур белков и нуклеиновых кислот. Информация, полученная методами рентгеновской кристаллографии или ЯМР-спектроскопии, и, всё чаще, методом криоэлектронной микроскопии вносится в базу данных биологами и биохимиками со всего мира, и доступна бесплатно через интернет сайты организаций-членов (PDBe, PDBj, RCSB). В базу данных по методам дифракции рентгеновских лучей, ЯМР, электронной микроскопии и смешанным методам внесено более 130000 записей. GenBank – база данных, находящаяся в открытом доступе, содержащая все аннотированные последовательности ДНК и РНК, а также последовательности закодированных в них белков. GenBank поддерживается Национальным центром биотехнологической информации США (NCBI), входящего в состав Национальных Институтов Здоровья в США, и доступен на бесплатной основе исследователям всего мира. GenBank получает и объединяет данные, полученные в разных лабораториях, для более чем 100 000 различных организмов. GenBank — архивная база данных, то есть ответственность за содержимое каждой записи несут создатели этой записи, которыми, как правило, являются экспериментаторы, определившие данную

последовательность. GenBank вместе с банками EMBL и DDBJ входит в консорциум INSDC (<http://insdc.org/>).

MOL-BIOL.RU - это научно-образовательный проект, который посвящен молекулярной биологии и смежным наукам. Основная идея портала - создание большого информационного ресурса, целью которого является предоставление информации по всем разделам биохимии, молекулярной биологии, генетики. Популярностью пользуются образовательные сайты: <http://www.plos.org/>; <http://ru.wikipedia.org/>; <https://www.edx.org/>; <http://sci-hub.org/>; <http://www.mendeley.com/>, а также humbio.ru/humbio/molbio.htm (молекулярная биология) и сайты ведущих университетов <http://mol.bio.msu.ru> (МГУ), <http://bio.bsu.by> (БГУ).

Международный союз биохимии и молекулярной биологии International Union of Biochemistry and Molecular Biology, IUBMB), международная неправительственная организация, в состав которой входит Федерация Европейский биохимических обществ (FEBS), издает журналы «Trends in Biochemical Sciences», «Biotechnology and Applied Biochemistry», «IUBMB Life», «Biochemistry and Molecular Biology Education» (первоначально «Biochemical Education»), «BioEssays», «BioFactors», «Molecular Aspects of Medicine».

В Республике Беларусь биоинформатические исследования используются как в научных разработках фундаментального и прикладного характера, так и в образовательном процессе более четверти века. Так на кафедрах биологии и общей химии Белорусского государственного медицинского университета, преподавание различных разделов биоинформатики проводится на первой, второй ступенях высшего медицинского образования, а также в процессе обучения в аспирантуре. Например, разработано методическое обеспечение курса «Молекулярная эволюция», введены дисциплины вычислительной биологии в подготовку магистров по биохимии, созданы десятки оригинальных компьютерных программ для решения практических задач биоинформатики [5, 6]. Кафедра биохимии Гродненского государственного университета имени Янки Купалы и кафедра химии Витебского государственного университета имени П.М. Машерова синхронно подготовили заявки на открытие магистратуры для студентов по специальности 1-31 80 11 «Биохимия» с учетом введения курсов, связанных с методологиями хемоинформатики и биоинформатики. Таким образом, формируется тенденция для размещения преподавания основ хемоинформатики и биоинформатики на второй ступени высшего образования. По всей видимости, это обосновано, поскольку магистратура, во-первых, предназначена для конкретной подготовки специалистов по запросу реального сектора экономики, учебных и научных учреждений, а, во-вторых, должна обеспечить готовность обучаемых студентов к перспективным междисциплинарным разработкам биологического и химического направлений.

Для обучения в магистратуре требуется разработка, обсуждение и утверждение адекватной учебной литературы. На кафедре химии Витебского

государственного университета имени П.М. Машерова за последнее десятилетие опубликовано 13 учебных пособий, ряд из которых имеют грифы Министерства образования о допуске к использованию их на второй ступени высшего образования. Так, например, под редакцией автора данного сообщения были выпущены два учебных пособия (2010 и 2013 годы), включающих 33 главы, написанных 64 ведущими учеными научных и учебных учреждений Республики Беларусь и Москвы, а также в 2017 году издан учебник «Биологическая химия» с грифом «...для студентов и магистрантов учреждений высшего образования по биологическим специальностям» [7-9]. Параллельно с созданием учебно-методического обеспечения работы магистратуры развернуты научно-исследовательские работы с привлечением биоинформатических методологий [10].

Заключение. Известно, что вопросы доказательной медицины перешли из разряда исследовательских в государственные, подлежащие регламентации минздравом. Аналогичные тенденции развиваются и в системе образования. Педагогическая общественность Беларуси все больше осознает, что применение новых образовательных технологий должно основываться только на их строго доказанном эффекте. Последнее может быть достигнуто путем применения принципов доказательной педагогики - науки, позволяющей осуществлять объективное прогнозирование результатов педагогической деятельности на основании изучения ее результативности с использованием строгих научных методов. Из этого определения следует самое главное, для чего нужна доказательная педагогика: она перебрасывает мостик от результатов, полученных в большой группе учащихся к конкретному обучаемому, с учетом его индивидуальных особенностей. Результативность обучения есть понятие вероятностное, поэтому, индивидуальные прогнозы результатов обучения тоже носят вероятностный характер. В этом случае применяется байесовская статистика, которая позволяет рассчитать риски и шансы. В общем виде расчеты основаны на формировании 4-польной таблицы. Принципиально такая статистика может применяться в 3-х направлениях при организации преподавания биохимии: для анализа эффективности применения новой педагогической технологии, например, биоинформатики; для оценки показателей прогностичности, т.е. значения предлагаемой технологии для подготовки преподавателя биохимии или исследователя в области биохимии; исследования тех или иных факторов в результативности педагогической технологии или определения ее несостоятельности [11]. Возможные пути оптимизации преподавания биохимии: совершенствование практической подготовки студентов в процессе работы в исследовательских лабораториях и путем анализа баз данных научных исследований кафедры, подразделения; использование учреждений научно-производственных кластеров в качестве производственных баз для целевой подготовки биохимиков; расширение школьных факультативов по биохимии и молекулярной биологии с целью профориентации выпускников школ и для их последующего успешного

обучения в вузах на основе взаимосвязанных программ олимпиад среди школьников и студентов [12-15].

Список литературы.

1. Чиркин, А.А. Биохимия филогенеза и онтогенеза. Гриф МО. - Учебное пособие / А.А. Чиркин, Е.О. Данченко, С.Б. Бокуть. - Минск: Новое знание, М.: «ИНФРА-М», 2012. – 288 с.
2. Чиркин, А.А. Обоснование целесообразности преподавания биоинформатики на второй ступени высшего биологического образования / А.А. Чиркин // Актуальные проблемы химического образования в средней и высшей школе: сборник научных статей / Витеб. гос. ун-т; редкол.: Н.М. Прищепа (гл. ред.) [и др.]; под ред. проф. Е.Я. Аршанского. – Витебск: ВГУ имени П.М. Машерова, 2018. – С. 325-327.
3. Чиркин, А.А. Опыт преподавания биохимии: от мнения студентов к совершенствованию обучения / Чиркин, А.А., Орлова Л.Г., Чиркина А.А. // Здоровье человека: экологические, медицинские и педагогические аспекты / Сб. статей международной научно-практической конференции. – Витебск, 2003. – С. 49-53.
4. Чиркина, А.А. Способ оптимизации учебного процесса преподаванием в малых группах / А.А. Чиркина, А.А. Чиркин // Профессиональное образование на рубеже тысячелетий: непрерывность и интеграция – состояние, проблемы и перспективы развития: Тез. 3-й Междунар. научно-практич. конф. – Минск, 1999.- С.139-141.
5. Бутвиловский, А.В. Основные методы молекулярной эволюции: монография / А.В. Бутвиловский [и др.]; под общ. ред. проф. Е.В. Барковского. – Мн.: Белпринт, 2009. – 216 с.
6. Хрусталева, В.В. Биохимические механизмы мутационного давления в методологии вычислительной биологии: монография / В.В. Хрусталева; под ред. Е.В. Барковского. – Мн.: БГМУ, 2010. – 212 с.
7. Бокуть, С.Б. Современные проблемы биохимии: учебное пособие / Бокуть С.Б. [и др.]; под ред. А.П. Солодкова и А.А. Чиркина. – Витебск: УО «ВГУ им. П.М. Машерова», 2010. – 384 с.
8. Барковский, Е.В. Современные проблемы биохимии. Методы исследований: учебное пособие / Е.В. Барковский [и др.]; под ред. проф. А.А. Чиркина. – Минск: Вышэйшая школа, 2013. – 491 с.
9. Чиркин, А.А. Биологическая химия: учебник / А.А. Чиркин, Е.О. Данченко. – Минск: Вышэйшая школа, 2017. – 431 с.
10. Чиркин, А.А. Альтернативный сплайсинг и посттрансляционная модификация белков в увеличении разнообразия белков в клетке: для адаптации и эволюции /А.А. Чиркин, В.В. Долматова // Биохимия и молекулярная биология. Сб. научных статей. Выпуск 1 Посттрансляционная модификация белков. - Минск: «Беларуская навука», 2017. – С. 48-59.

11. Чиркин, А.А. Размышления о доказательной педагогике / А.А. Чиркин // Педагогические инновации: традиции, опыт, перспективы. Матер. Междунар. научно-практ. конф. – Витебск: ВГУ, 2010. – С. 55-56.
12. Чиркин, А.А. Современное научно-методическое обеспечение университетского курса «Биологическая химия» / А.А. Чиркин, Е.О. Данченко // Актуальные проблемы химического образования в средней и высшей школе / Сб. статей. – Витебск: ВГУ, 2013. – С. 287-290.
13. Чиркин, А.А. Концепция, методическое обеспечение и опыт подготовки студентов по специальности «Биология» и специализации «Биохимия» (научно-педагогическая деятельность) / А.А. Чиркин, Е.Я. Аршанский, Е.О. Данченко // Хімія: праблемы выкладання. – 2011. - №9. – С. 3-10.
14. Чиркин, А.А. Планирование занятий по факультативному курсу биохимии / А.А. Чиркин, Д.И. Паршонок // Хімія: Праблемы выкладання. – 2007. - №9. – С 14-20.
15. Чиркин, А.А. Базы данных научных исследований – новые средства обучения в химическом образовании / А.А. Чиркин, Н.А. Степанова, А.А. Чиркина // Сб.: Инновационные технологии в учебно-воспитательном процессе / УО «ВГУ им. П.М.Машерова», Витебск: ВГУ, 2006. – С. 32-36.

УДК 577.121.9

ИЗМЕНЕНИЕ ПУЛА СВОБОДНЫХ АМИНОКИСЛОТ В ПЛАЗМЕ КРОВИ ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНЫХ ЖИВОТНЫХ В МОДЕЛИ ОСТРОЙ И ХРОНИЧЕСКОЙ ФАЗЫ АЛЛЕРГИЧЕСКОГО КОНТАКТНОГО ДЕРМАТИТА.

М.С. Чумаченко, Е.О. Корик, И.В. Семак

*Белорусский государственный университет, биологический факультет,
кафедра биохимии*

Резюме. В исследованиях, проведенных на модели хронического контактного дерматита у крыс, установлено значительное снижение уровня ароматических аминокислот (триптофана и тирозина) на фоне повышения суммарного содержания свободных аминокислот в крови. Полученные данные свидетельствуют, что метаболический профиль аминокислот в крови зависит от фазы аллергического контактного дерматита и может быть использован для его дифференциальной диагностики.