



Функциональный ландшафт протеомных изменений при острейшей стадии ишемии мозга:



Институт,
трансляционной нейробиологии

Март 2026

Ростов-на-Дону

Цель работы - анализ протеомных данных, полученных на ранней стадии (4 часа после ишемии) в фототромботической модели инсульта у крыс, выявление функциональных биологических процессов.

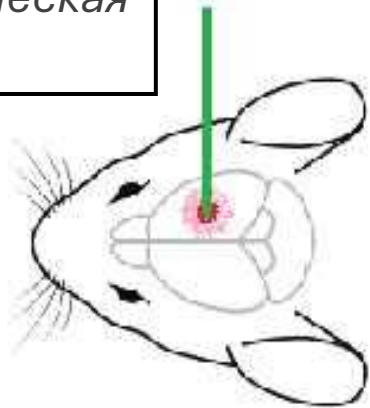
Задачи:

- 1 Сформировать список генов на основе данных протеомного анализа
- 2 Провести функциональную аннотацию полученного набора генов
- 3 Выполнить анализ обогащения по базам Gene Ontology и Rat Genome Database

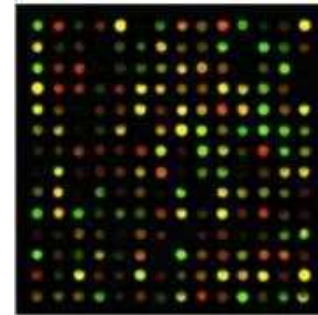
Введение:

В первые часы после ишемии в ткани мозга происходят значительные изменения протеомного профиля, особенно в зоне пенумбры - области потенциально обратимого повреждения.

Фототромботическая
ишемия (ФТИ)



Протеомный микрочип



Методы:



- **Фильтрация:** удалялись неоднозначные идентификаторы и посттрансляционно модифицированные формы, идентификаторы сводились к единому стандарту по названию гена ENSEMBL
- Базы данных: Gene Ontology (GO) и Rat Genome Database (RGD) – Disease
- ShinyGO 0.85, параметры анализа: $FDR < 0.05$, Remove redundancy – ON
- Визуализированы наиболее обогащённые группы: топ 10, дополнительно построены иерархические древа кластеризации



Profiling of Signaling Proteins in Penumbra After Focal Photothrombotic Infarct in the Rat Brain Cortex

Svetlana Demyanenko¹ · Anatoly Uzdensky¹

Received: 11 May 2016 / Accepted: 3 October 2016 / Published online: 22 October 2016
© Springer Science+Business Media New York 2016

Abstract In ischemic stroke, cell damage propagates from infarct core to surrounding tissue. To reveal proteins involved in neurodegeneration and neuroprotection, we explored the protein profile in penumbra surrounding the photothrombotic infarct core induced in rat cerebral cortex by local laser irradiation after Bengal Rose administration. Using antibody microarrays, we studied changes in expression of 224 signaling proteins 1, 4, or 24 h after photothrombotic infarct compared with untreated contralateral cortex.



DOI: [10.1007/s12035-016-0191-x](https://doi.org/10.1007/s12035-016-0191-x)

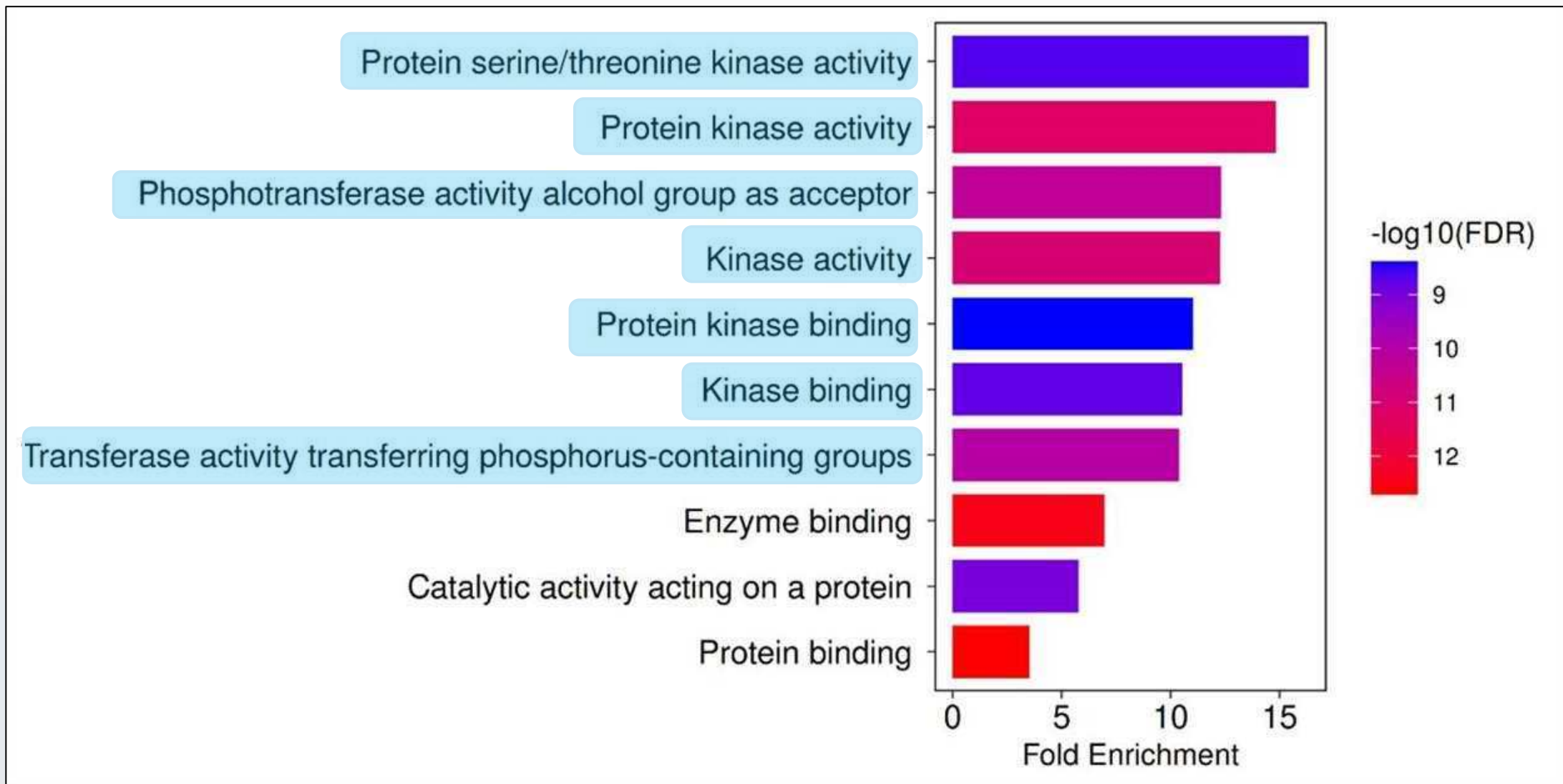


Рис. 1 – топ 10 обогащенных категорий согласно словарю GO «Molecular function»,
синий - киназная активность.

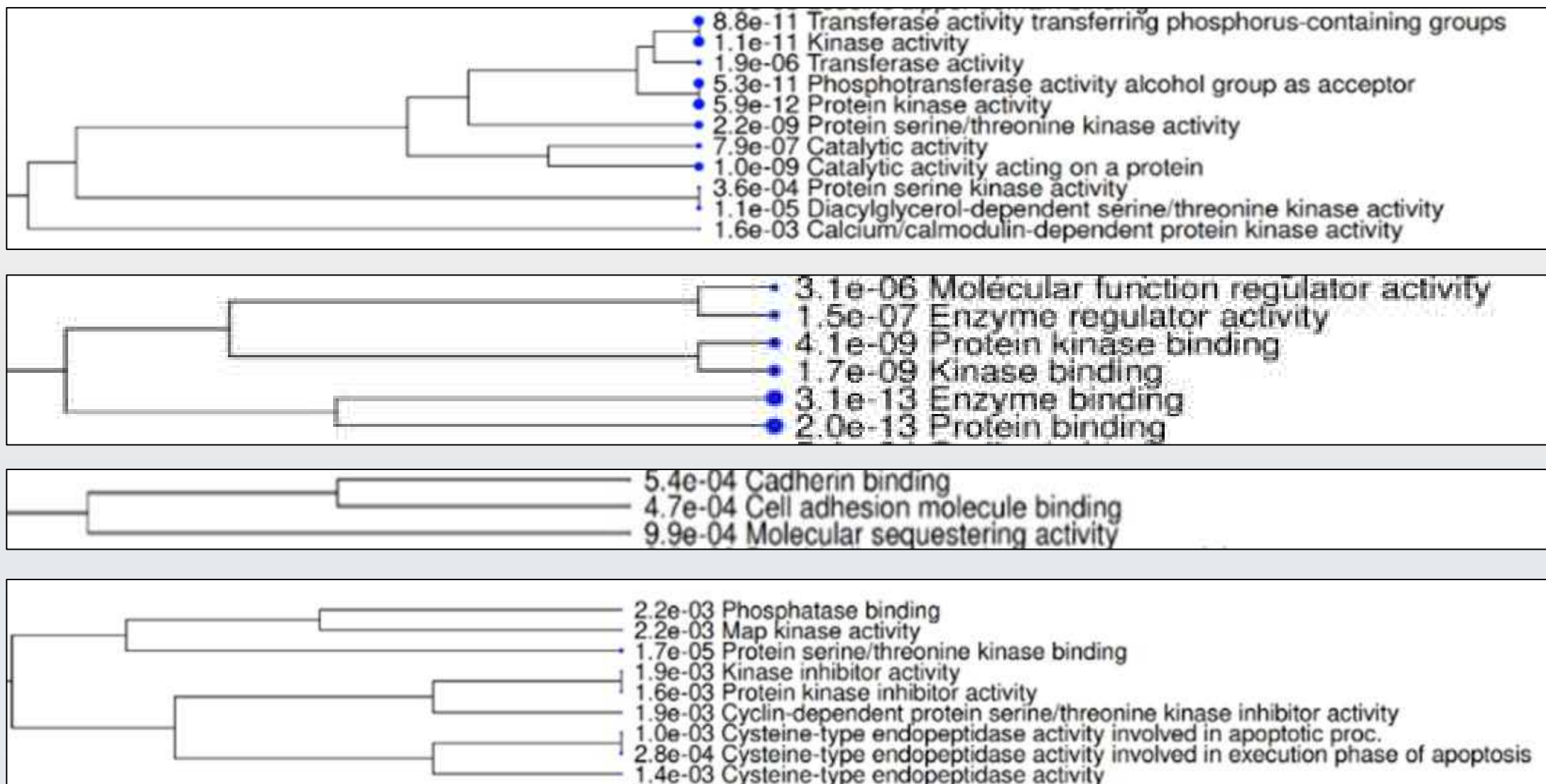


Рис. 2 – некоторые ветви иерархического дерева терминов GO «Molecular function», размер **точек** пропорционален статистической значимости.

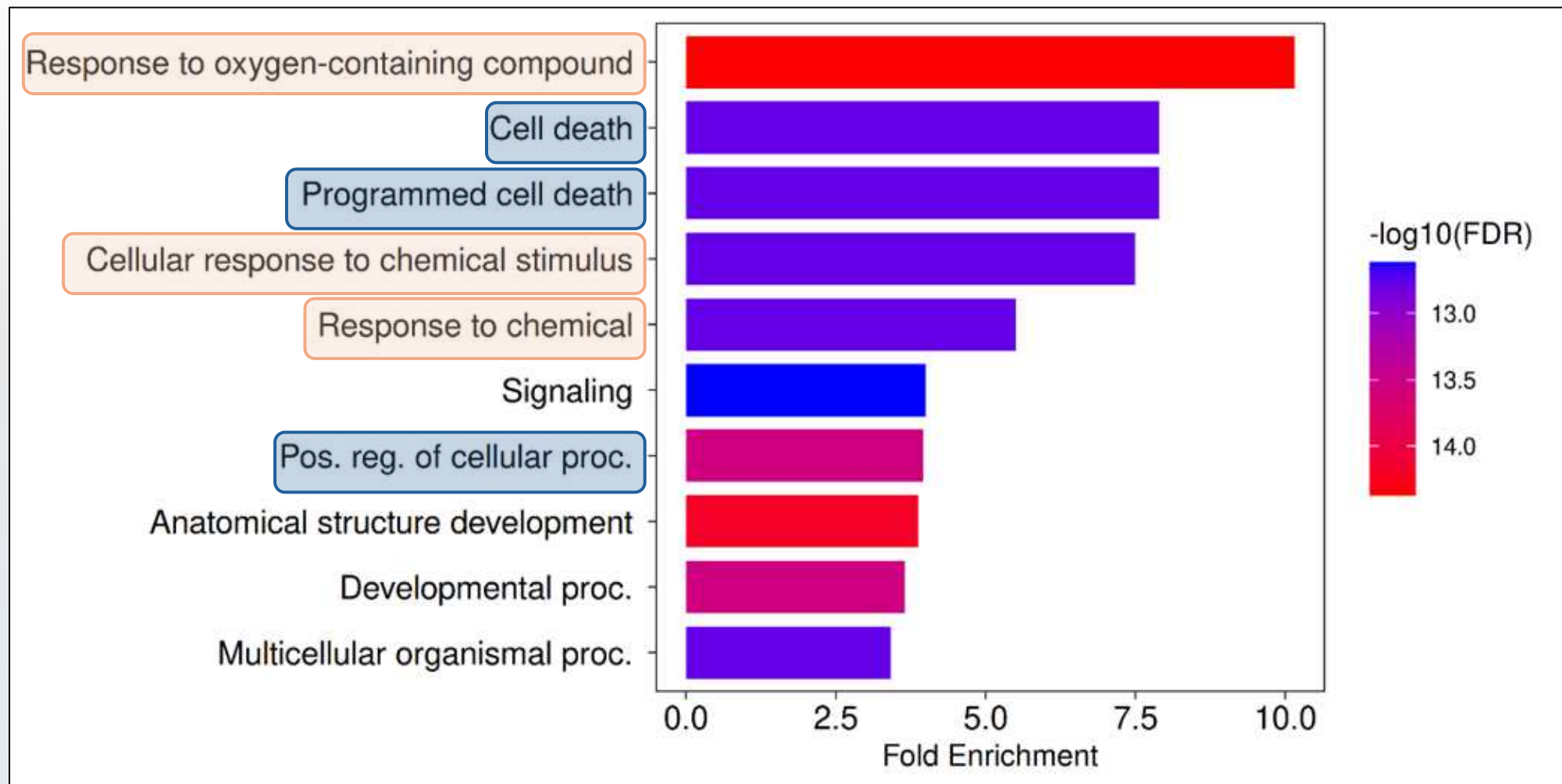


Рис. 3 – топ 10 обогащенных категорий согласно словарю GO «Biological Process»,
темно синий – клеточная гибель, оранжевый – ответ на окислительный стресс.

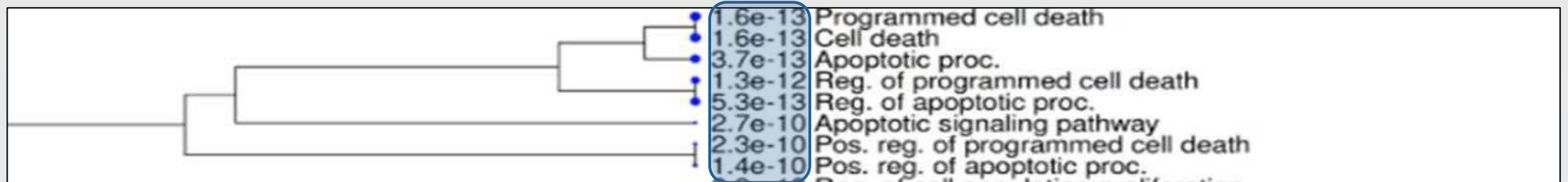
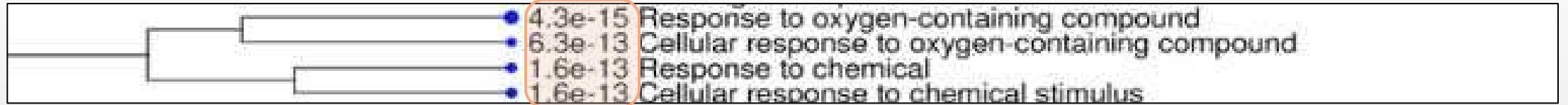


Рис. 4 – некоторые ветви иерархического дерева терминов GO «Biological process», размер **точек** пропорционален статистической значимости.

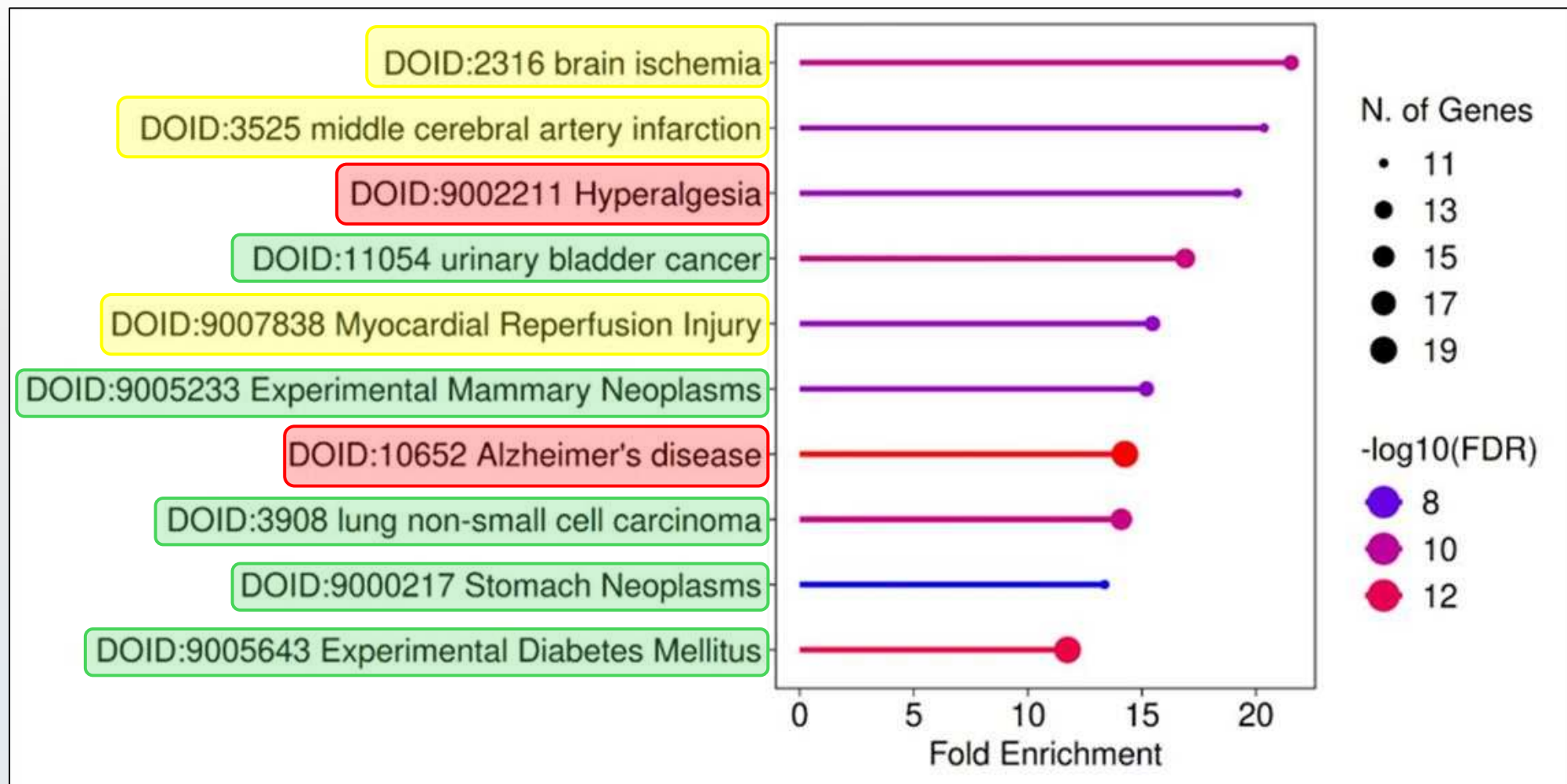


Рис. 5 – дополнительный анализ обогащения по базе Rat Genome Database (раздел Disease)

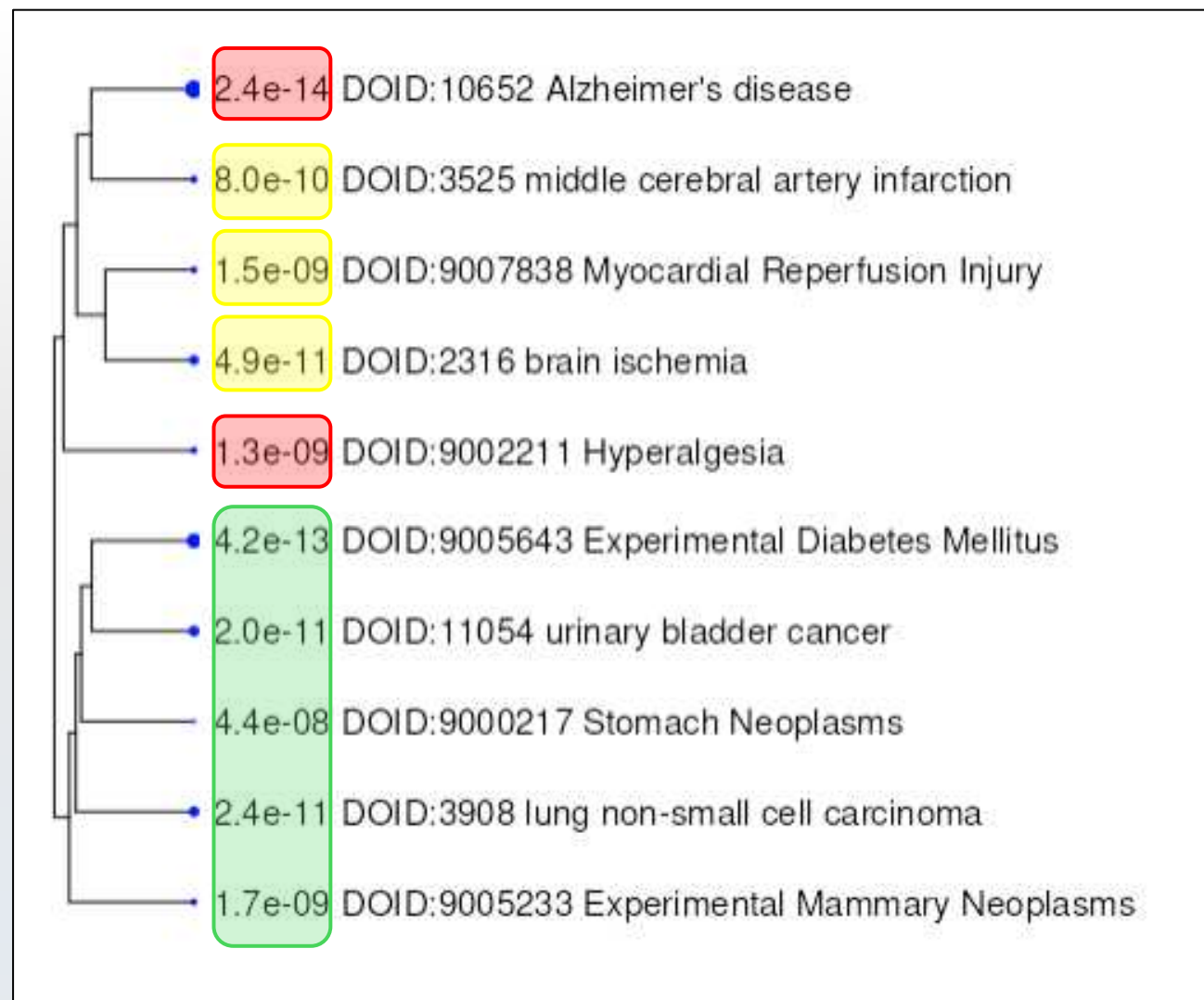


Рис. 6 – иерархическое древо кластеризации терминов Rat Genome Database (раздел Disease)

Мозговая
ишемия

Реперфузионное
повреждение

Prkca
Th
Ddit3
Casp6

Diablo
Bcl2l1
Casp3
Mapk3
S100b
Tp53
Mapk8
Mapk1

Mdm2
Prkcb
Prkd1
Pawr

Повреждение СМА

Альцгеймер

Th
Ap2b1

App
Camk2a
Casp3
Mapk3
Ngfr
S100b
Pawr
Mapk1
Casp6

Plcg1
Prkcb
Tp53
Mapk8
Cdk5r1
Ncstn
Necab3

Bcl2l1
Egfr
Grin2a

Выводы:

Протеомные изменения, зарегистрированные в ткани головного мозга в ранний период после ишемии, преимущественно связаны с активацией:

- окислительного стресса
- сигнальных каскадов
- процессов программируемой клеточной гибели.

Что хорошо согласуется с известными механизмами ишемического повреждения мозга и подтверждает - протеомные изменения в зоне пенумбры отражают раннюю активацию стресс-ассоциированных и регуляторных клеточных процессов.

*Спасибо за
внимание!*



**Как YandexART 2.5 видит запрос «протеом мозга
крысы»*

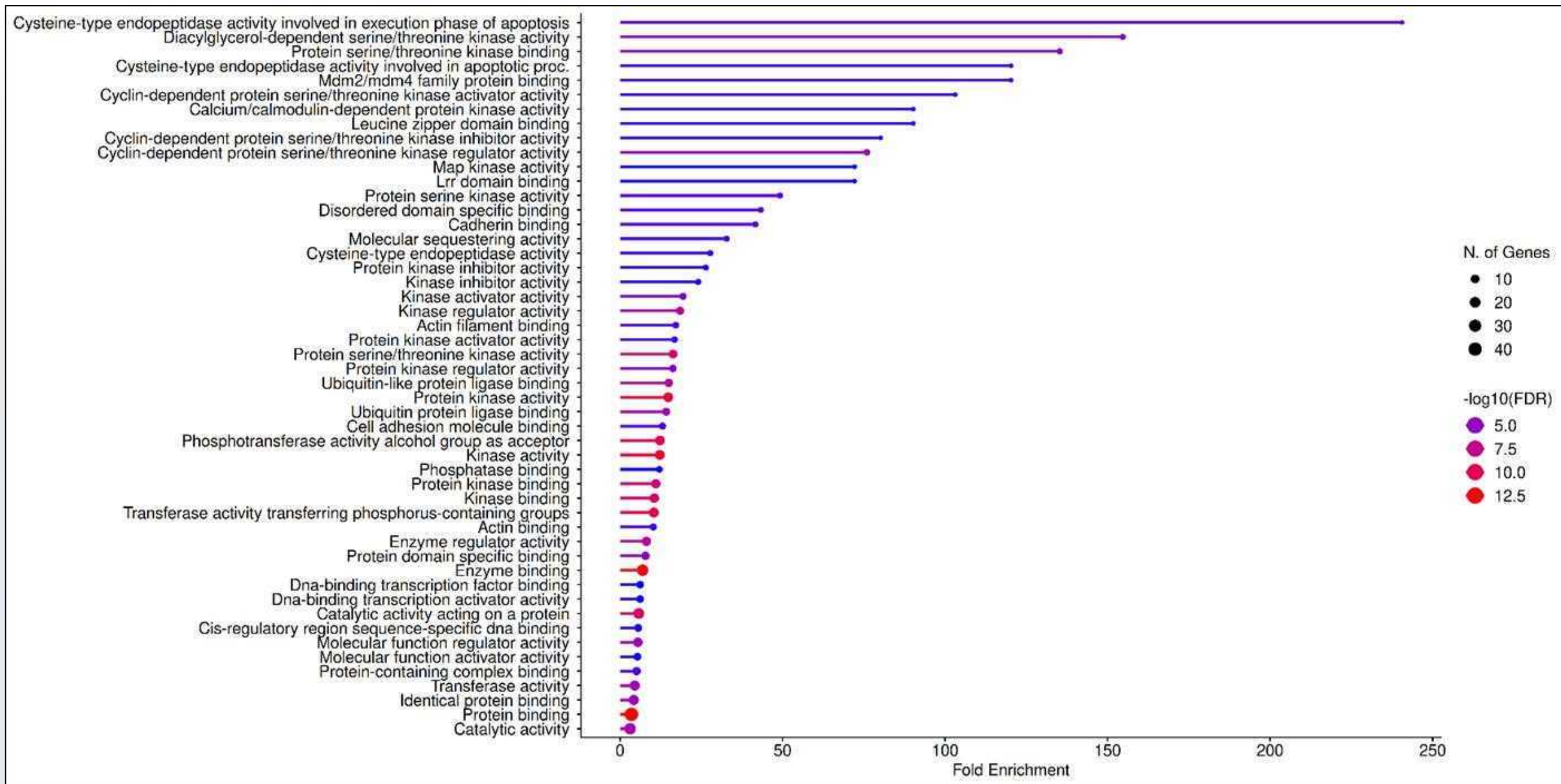


Рис. 1А – топ 50 обогащенных категорий согласно словарю GO «Molecular function»

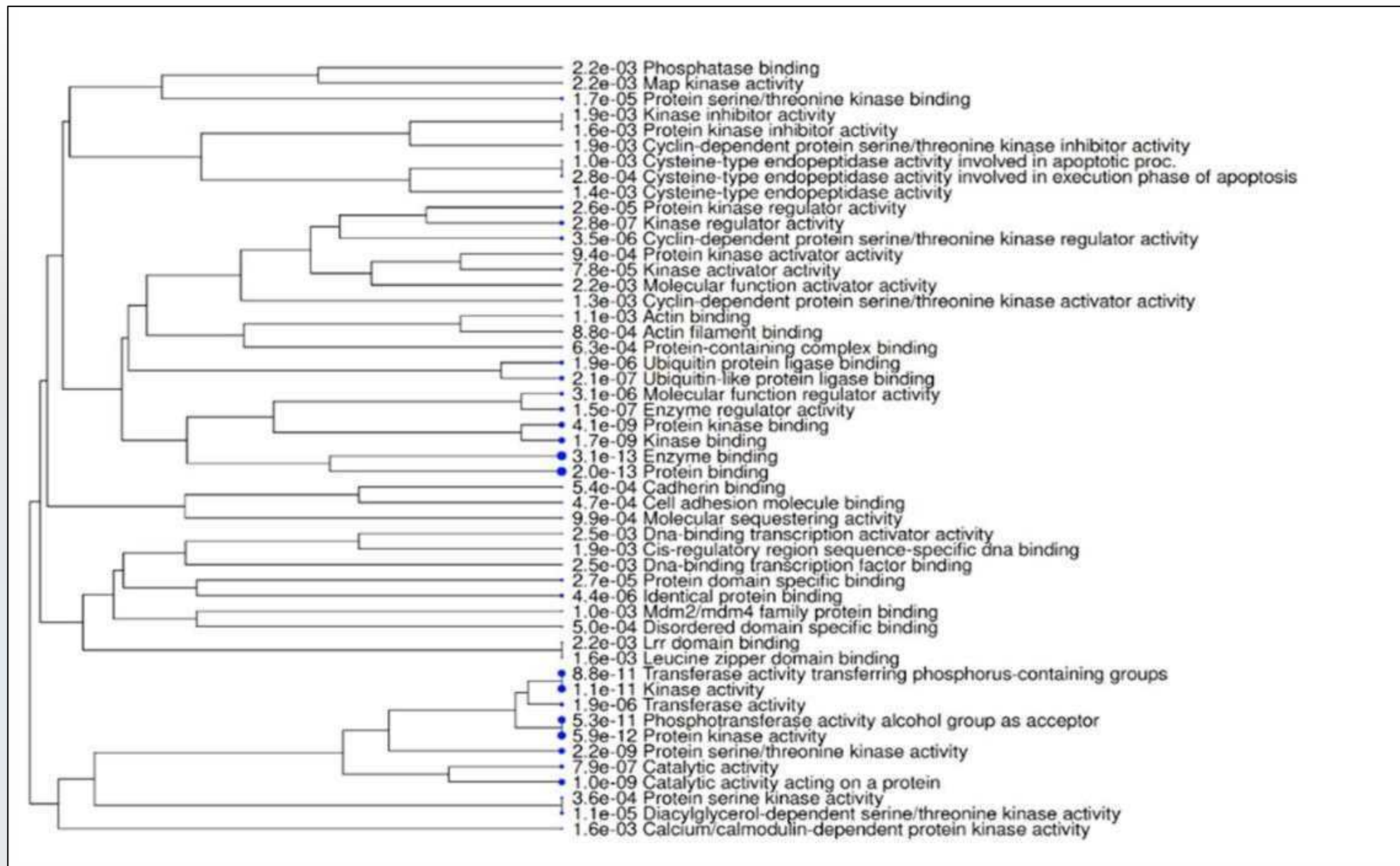


Рис. 2А – иерархическое древо кластеризации терминов GO «Molecular function»

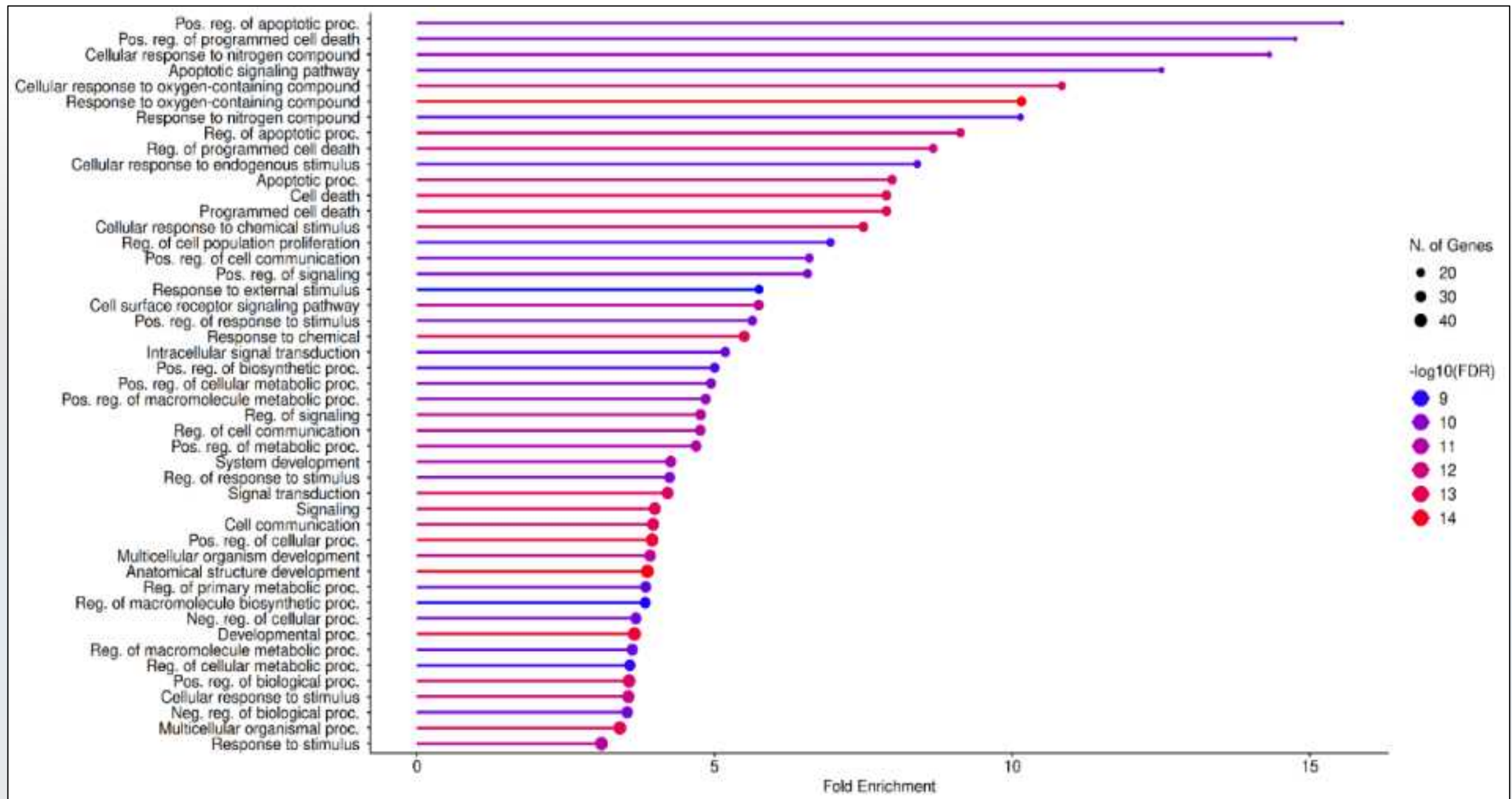


Рис. 3А – топ 50 обогащенных категорий согласно словарию GO «Biological process»

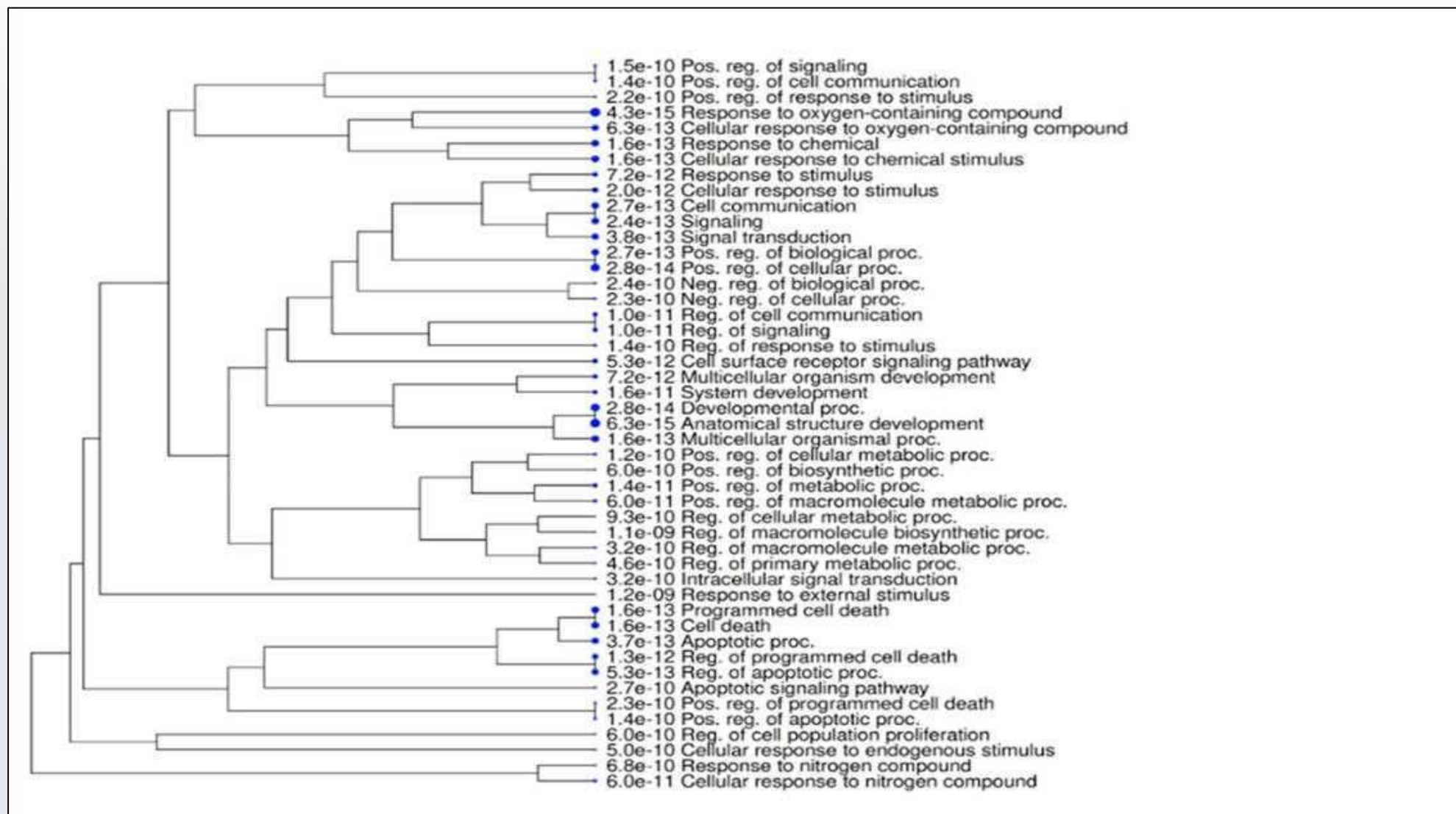


Рис. 4А – полное иерархическое дерево кластеризации терминов GO «Biological process»