

- appetite and heat stress protein genes in broiler chickens subjected to heat stress. *Journal of animal science*, 98(10): article number skaa300. DOI: <https://doi.org/10.1093/jas/skaa300>
10. Zhang, J., Yu, C., Li, Z., Li, J., Chen, Y., Wang, T., & Wang, C. (2022). Effects of Zinc Oxide Nanoparticles on Growth, Intestinal Barrier, Oxidative Status and Mineral Deposition in 21-Day-Old Broiler Chicks. *Biological trace element research*, 200(4), 1826–1834. DOI: <https://doi.org/10.1007/s12011-021-02771-6>

УДК 616-092.11.9 / 57.088

ПРОТЕОМІКА – МОЖЛИВОСТІ І ПЕРСПЕКТИВИ ЗАСТОСУВАННЯ У ВЕТЕРИНАРНІЙ МЕДИЦИНІ

Костюк І.О., кандидат сільськогосподарських наук, доцент, Державний біотехнологічний університет, м. Харків, Україна

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9345-7696>

Ляхович Л.М., кандидат ветеринарних наук, доцент, Державний біотехнологічний університет, м. Харків, Україна

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4738-602X>

Жукова І.О., доктор ветеринарних наук, професор, Державний біотехнологічний університет, м. Харків, Україна

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4488-3899>

Кочевенко О.С., старший викладач, Державний біотехнологічний університет, м. Харків, Україна

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3568-679X>

Ульяницька А.Ю., кандидат ветеринарних наук, доцент Державний біотехнологічний університет, м. Харків, Україна

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2098-891X>

Як виявити білок в біологічному матеріалі та встановити його приналежність до певного органу, тканини, нормальних або патологічно змінених клітин? На це питання дає відповідь сучасна протеоміка. Чому саме сучасна? Адже вивчення білків почалось ще в 18му столітті, з того часу встановлено принципи їх структури, для багатьох білків відомий склад і будова, існує безліч класичних методів визначення білків, які базуються на відомих якісних реакціях, таких як, наприклад, біуретова та інші. Існують діагностичні експрес-тести, в тому числі ферментні, які використовуються в клінічних лабораторних дослідженнях, в практичній ветеринарній медицині. Деякі білки отримують як лікувальні препарати (наприклад інсулін) або діагностичні (специфічні антитіла), використовуючи досягнення генної інженерії, геноміки та біотехнології. Завданням сучасної протеоміки є універсальна ідентифікація білків будь-якого походження та їх кількісне визначення. Протеоміка, Proteomics, - це поглиблене вивчення усієї сукупності протеїнів клітини чи організму, що включає їх ідентифікацію та визначення кількісного вмісту, а також вивчення будови білків, їх локалізації, функції та різноманітні взаємодії [1].

Протеом клітини, тканини, органу, організму – це постійний набір білків-складників, які можуть бути структурними компонентами або органел або солубілізованими ферментами, учасниками гелевих внутрішньоклітинних або позаклітинних структур. Якщо розглядати вцілому протеом організму, то він являє собою втілений результат роботи генетичного апарату індивідуума, є унікальним проявом спадковості; білки-ферменти і типові структурні білки тканин є, на сьогоднішній день, типовими учасниками обміну речовин в організмі. Так структурна і метаболічна біохімія білків – це галузі біохімії, що саме і вивчають ці молекули та їх перетворення. Що ж тоді залишається протеоміці?

Протеоміка – це фактично і є давно існуюча галузь, біохімія білків, але на новому технічному і методологічному рівні.

Мета протеоміки дещо інша, зокрема – аналіз та ідентифікація окремих білків та протеомів. Протеом – це повний набір білків, які в конкретний момент присутні в клітині, певному типі клітин або в організмі [2]. Термін «протеом» було створено Марком Вілкінсом у 1995 році. В результаті досліджень шляхом протеоміки можна ідентифікувати білок будь-якого походження, тваринного, рослинного, мікроорганізмів, комах та ін., а також визначити протеом окремої певної біологічної системи.

Експресійна протеоміка, структурна та функціональна протеоміка протеоміка є трьома основними типами протеоміки.

Ключові моменти протеоміки: 1) Протеоміка досліджує, як білки впливають на клітинні процеси або зовнішнє середовище; 2) Усередині окремого організму геном постійний, але протеом змінюється і є динамічним; 3) Кожна клітина в окремому організмі має однаковий набір генів, але набір білків, що виробляються в різних тканинах, відрізняються один від одного і залежать від експресії генів, окрім того, модифікації білків відбуваються підчас патологічних процесів.

Актуальність досліджень протеоміки реалізується в двох напрямках: в науковому та практичному. По-перше – у наукових фундаментальних дослідженнях інформація про склад та будову конкретних білків може бути використана для оцінки синтезу білків та його порушень, визначення пострасляційних модифікацій, вивчення патоморфологічних змін на субклітинному рівні та патогенезу захворювань. По-друге – для практичного застосування проводиться визначення білків у біологічному матеріалі, у природних сумішах, реально проводиться ідентифікація видоспецифічних білків різних тканин.

Сучасна протеоміка – це міждисциплінарна галузь науки, яка базується на біохімії та генетиці, поєднує в собі фізичні, хімічні, імунологічні методи та біоінформатику.

Методи протеоміки – це структурні дослідження, генетичні, біоінформаційні. [3; 4].

Мас-спектрометрія є важливим інструментом, який використовується для профілювання білків у клітині та визначення в діагностичних пробах [5; 6; 7].

Досягнення і результати: протеоміка може надати інформацію про молекулярні механізми захворювань і порівняти, наприклад, протеоми пацієнтів зі здоровою контрольною групою. Кількісна протеоміка також може забезпечити глибоке розуміння механізмів захворювання, клітинних функцій і відкриття біомаркерів.

Методи протеоміки можуть бути використані в діагностиці злоякісних пухлин: для розпізнавання злоякісних клітин. Морфологічна оцінка пухлинних клітин є дуже складною частиною досліджень канцерогенезу, особливо на стадії метастазування та утворення нових клонів клітин. Визначення маркерів та протеому пухлин є необхідним підчас вивчення патогенезу таких хвороб та підтвердження патоморфологічних досліджень, аналізу. Дифференційний і порівняльний підхід в вивченні пухлин як у людському організмі, так і у тварин базується на дослідженнях білкових продуктів канцерогенного процесу або протеому клітин і навіть органел. Інтерпритація результатів точного виявлення певних нормальних або патологічно модифікованих білків, компонентів протеому клітини, може бути використана у таких напрямках як діагностика, патоморфологія та патофізіологія канцерогенезу.

Застосування протеоміки в біомедичних дослідженнях та ветеринарній медицині:

Фундаментальні дослідження білків. Визначення структури білків, складання баз даних та карт білкових взаємодій, ідентифікація білків різноманітного походження. [8; 9]

Функціональна біохімія тканин. Молекулярні методи вивчення обміну білками між органами. У той час як протеоміка мас-спектрометрії ідентифікує циркулюючі білки та може співвіднести їхню кількість із фенотипами захворювання, тканини походження та призначення цих секретованих білків залишаються в основному невідомими [10] і потребують нових підходів вивчення.

Онкопротеоміка. Застосування протеоміки при дослідженні раку називається онкопротеомікою. Онкопротеоміку можна використовувати для визначення протипухлинних

препаратів і персоналізації лікування раку, для діагностики та відкриття нових методів лікування [11;12].

Визначення біомаркерів пухлин. Біомаркер є оцінюваним показником нормального чи аномального біологічного стану в організмі. У клінічних умовах розвиток раку та його реакція на терапію вимірюється біомаркерами раку [3;7]. Протеоміка була використана для відкриття багатьох біомаркерів лейкемії (каталаза та ін.), які могли б визначити різні типи лейкемії [11].

Розробка ліків: Використовуючи метод протеоміки 2D-PAGE-MALDI-TOF/TOF, *Lavandula angustifolia* використовувалася як препарат для лікування хвороби Альцгеймера у лабораторних шурів [13;5].

Виробництво лікарських препаратів та виявлення алергенів, зокрема харчових. [14].

Ризики: Нанотехнології в поєднанні з протеомікою можуть бути як дуже корисними в напрямку розробки ліків, так і небезпечними. В фундаментальній протеоміці існують навіть такі напрямки як проектування та передбачення структури білків, але як і будь-які наукові знання, ці дослідження потребують обережного і критичного ставлення в перспективі отримання штучних білків і небезпеки їх непередбачуваного ефекту в природі, зокрема в організмі людини або в організмах тварин. Все це створює сучасні виклики в протеоміці.

Висновки: протеоміка — це високоточна, чутлива технологія, яка забезпечує визначення окремих білків і протеомів. Протеоміка може допомогти у пошуку нових біомаркерів при різних, т тому числі онкологічних, захворюваннях і відкрити нові методи діагностики та лікування.

Бібліографічний список:

1. Глосарій термінів з хімії // Й. Опейда, О. Швайка. Ін-т фізико-органічної хімії та вуглехімії ім. Л. М. Литвиненка НАН України, Донецький національний університет — Донецьк: "Вебер", 2008. — 758 с. [ISBN 978-966-335-206-0](#)
2. Білки. (2023, February 4). In Wikipedia. <https://uk.wikipedia.org/wiki/%D0%91%D1%96%D0%BB%D0%BA%D0%B8>
3. Al-Amrani, S., Al-Jabri, Z., Al-Zaabi, A., Alshekaili, J., & Al-Khabori, M. (2021). Proteomics: Concepts and applications in human medicine. *World Journal of Biological Chemistry*, 12(5), 57-69. <https://doi.org/10.4331/wjbc.v12.i5.57>
4. Blackstock WP, Weir MP (1999). [Proteomics: quantitative and physical mapping of cellular proteins](#). *Trends Biotechnol.* 17 (3): 121–7. PMID 10189717. doi:10.1016/S0167-7799(98)01245-1
5. Федоров І.І., Ліньова В.І., Тарасова І.А., Горшков М.В. Хімічна протеоміка на основі мас-спектрометрії у задачах пошуку лікарських мішеней. - *Біохімія*, 2022, т. 87, вип. 9, ст. 1232–1245 DOI: 10.31857/S0320972522090056
6. Bilal Aslam, Madiha Basit, Muhammad Atif Nisar, Mohsin Khurshid, Muhammad Hidayat Rasool, Proteomics: Technologies and Their Applications, *Journal of Chromatographic Science*, Volume 55, Issue 2, 1 February 2017, Pages 182–196, <https://doi.org/10.1093/chromsci/bmw167>
7. Суходуб Л. Ф. Протеоміка, мас-спектрометрія, рак. м. Суми. - *Вісник СумДУ. Серія «Медицина»*, №2'2011, ст. 24-34.
8. Вісловух А. А., Гройсман І. С., Єльська А. В., Негруцький Б. С., Полеська А. Н. Транскрипційний і посттранскрипційний контроль експресії eEF1A2 у процесі диференціації міобластів. *Biopolym. Cell.* 2012; 28(6):456-460. <http://dx.doi.org/10.7124/bc.000136>
9. Negrutskii B, Vlasenko D, El'skaya A. From global phosphoproteomics to individual proteins: the case of translation elongation factor eEF1A. *Expert Rev Proteomics.* 2012;9(1):71-83. doi: 10.1586/ep.11.71. PMID: 22292825.
10. Kreissl, F. K., Banki, M. A., & Droujinine, I. A. (2023). Molecular methods to study protein trafficking between organs. *PROTEOMICS*, 23(6), 2100331. <https://doi.org/10.1002/pmic.202100331>

11. López-Pedrerera C, Villalba JM, Siendones E, Barbarroja N, Gómez-Díaz C, Rodríguez-Ariza A, Buendía P, Torres A, Velasco F. Proteomic analysis of acute myeloid leukemia: Identification of potential early biomarkers and therapeutic targets. *Proteomics*. 2006 Apr;6 Suppl 1:S293-9. doi: 10.1002/pmic.200500384. PMID: 16521150.
12. Lobas A.A., Pyatnitskiy M.A., Chernobrovkin A.L., Ilina I.Y., Karpov D.S., Solovyeva E.M., Kuznetsova K.G., Ivanov M.V., Lyssuk E.Y., Kliuchnikova A.A., Voronko O.E., Larin S.S., Zubarev R.A., Gorshkov M.V., Moshkovskii S.A. **Proteogenomics of malignant melanoma cell lines: the effect of stringency of exome data filtering on variant peptide identification in shotgun proteomics**. *Journal of Proteome Research*. 2018;17(5):1801-1811. doi: 10.1021/acs.jproteome.7b00841.
13. Zali, H., Zamanian-Azodi, M., & Tavirani, M. R. (2015). Protein Drug Targets of *Lavandula angustifolia* on treatment of Rat Alzheimer's Disease. *Iranian Journal of Pharmaceutical Research : IJPR*, 14(1), 291-302. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4277642/>
14. Natasha Beeton-Kempen. *Proteomics: Principles, Techniques and Applications*. Published: December 9, 2020. <https://www.technologynetworks.com/proteomics/articles/proteomics-principles-techniques-and-applications-343804>

УДК 636.2:616.995.428

КЛІНІЧНІ ОЗНАКИ ХОРІОПТОЗУ В КОРІВ ЗА ВИСОКИХ ПОКАЗНИКІВ ІНТЕНСИВНОСТІ ІНВАЗІЇ

Коваленко С.О., аспірант, Полтавський державний аграрний університет, м.Полтава, Україна

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5755-9724>

Мельничук В.В., кандидат ветеринарних наук, доцент, Полтавський державний аграрний університет, м.Полтава, Україна

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1927-1065>

Вступ. Акарози великої рогатої худоби відносяться до патологій, що негативно впливають на стан здоров'я та благополуччя тварин. З-поміж них, хоріоптозна інвазія є значно поширеним акарозом, який завдає значних економічних збитків внаслідок масового ураження поголів'я, зниження приросту маси тіла, витрат на лікувально-профілактичні заходи [1–3].

Інвазія супроводжується характерними клінічними ознаками, які є місцевою і загальною реакцією організму тварин на паразитування кліщів. Ступінь розвитку інвазії залежить від умов, які необхідні для виживання кліщів – теплом та високою вологістю, що створюються на шкірі тварин. Негативний вплив паразитів на організм тварин відбувається внаслідок їх механічної дії, що пов'язана з пошкодженням епідермісу, внаслідок прогризання ходів кліщами та їх живленням клітинами епідермісу, лімфою, запальним ексудатом, а також токсичною дією хоріоптесів. Література свідчить, що первинною реакцією у тварин на життєдіяльність кліщів є свербіж. Запальні явища в осередках ураження шкіри спочатку виражаються у вузликовому її потовщенні, що обумовлюється набуханням зернистих і шиповидних клітин, набряком субепідермального шару, дегенеративними змінами епітеліальних клітин, волосяних цибулин і випадінням волосся, що призводить до появи алопецій. Вузликівий висип перетворюється на везикулярний та пустульозний. Науковці зазначають, що хоріоптоз у великої рогатої худоби проявляється спочатку ураженням шкіри в області кореня хвоста і молочного дзеркала вимені. Процес зазвичай локалізується на задніх кінцівках та має тенденцію поширюватися вгору по всій поверхні, захоплюючи область вимені та мошонки. Ураження шкіри на передніх кінцівках реєструється рідше [4–6].