

doi: 10.25005/2074-0581-2026-28-3-791-802

ОМИКСНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ В ОФТАЛЬМОЛОГИИ

Д.Ю. ПЛОТНИКОВ

Центральная научно-исследовательская лаборатория, Казанский государственный медицинский университет, Казань, Российская Федерация

Современная офтальмология активно развивается, благодаря внедрению инновационных методов диагностики и лечения. Традиционные подходы часто не позволяют полностью раскрыть механизмы развития заболеваний из-за сложного взаимодействия генетических и средовых факторов. Омиксные технологии, включая геномику, протеомику и метаболомику, обеспечивают комплексный анализ данных, что способствует углублённому пониманию патогенеза и разработке персонализированных стратегий лечения. Высокопроизводительные методы секвенирования позволили выявить генетические предрасположенности к таким заболеваниям, как глаукома, возрастная макулярная дегенерация и миопия, что улучшает раннюю диагностику и таргетную терапию.

Особенности глаза, такие как иммунная привилегированность и связь с центральной нервной системой, делают его уникальной моделью для изучения патологий и нейродегенеративных заболеваний. Омиксные технологии также применяются для анализа слёзной жидкости, выявляя биомаркеры синдрома сухого глаза, диабетической ретинопатии и воспалительных заболеваний. Развитие биоинформатики и машинного обучения ускоряет обработку данных, прогнозирование заболеваний и поиск новых терапевтических мишеней.

Обзор основан на систематическом поиске литературы за период с 2010 по 2025 годы в базах данных PubMed, Science Direct, eLibrary, по ключевым словам, «омиксные технологии», «офтальмология», «геномика», «протеомика», «метаболомика». Отобраны рецензируемые статьи, посвящённые применению омиксных технологий для исследования глазных заболеваний, таких как глаукома, возрастная макулярная дегенерация, диабетическая ретинопатия, синдром сухого глаза и миопия. Были исключены статьи, в которых использовались данные, устаревшие по своему содержанию или с недостаточной детализацией методов. В статье рассмотрены достижения и перспективы омиксных технологий в офтальмологии, их роль в диагностике и лечении, а также вызовы и направления будущих исследований.

Ключевые слова: омиксные технологии, геномика, протеомика, офтальмология, метаболомика.

Для цитирования: Плотников Д.Ю. Омиксные технологии в офтальмологии. *Вестник Авиценны*. 2026;28(3):791-802. <https://doi.org/10.25005/2074-0581-2026-28-3-791-802>

OMICS TECHNOLOGIES IN OPHTHALMOLOGY

D.YU. PLOTNIKOV

Central Research Laboratory, Kazan State Medical University, Kazan, Russian Federation

Modern ophthalmology is developing rapidly owing to the introduction of innovative diagnostic and therapeutic approaches. Traditional methods often fail to fully elucidate the mechanisms underlying disease development because of the complex interplay between genetic and environmental factors. Omics technologies, including genomics, proteomics, and metabolomics, enable comprehensive data analysis, thereby contributing to a deeper understanding of pathogenesis and the development of personalized treatment strategies. High-throughput sequencing methods have made it possible to identify genetic predispositions to diseases such as glaucoma, age-related macular degeneration, and myopia, improving early diagnosis and targeted therapy.

The eye's unique characteristics, including its immune-privileged status and close relationship with the central nervous system, make it a valuable model for studying ocular disorders and neurodegenerative diseases. Omics technologies also analyze tear fluid, enabling the identification of biomarkers for dry eye disease, diabetic retinopathy, and inflammatory disorders. Advances in bioinformatics and machine learning accelerate data processing, disease prediction, and the identification of novel therapeutic targets.

This review is based on a systematic literature search covering the period from 2010 to 2025 in PubMed, ScienceDirect, and eLibrary databases using the keywords "omics technologies", "ophthalmology", "genomics", "proteomics", and "metabolomics". Peer-reviewed articles addressing the application of omics technologies to the investigation of ocular diseases, including glaucoma, age-related macular degeneration, diabetic retinopathy, dry eye disease, and myopia, were selected. Articles containing outdated data or providing insufficient methodological detail were excluded. This review discusses the current achievements and prospects of omics technologies in ophthalmology, their role in diagnosis and treatment, and existing challenges and directions for future research.

Keywords: Omics technologies, genomics, transcriptomics, proteomics, metabolomics, ophthalmology.

For citation: Plotnikov DYu. Omiksnnye tekhnologii v oftal'mologii [Omics technologies in ophthalmology]. *Vestnik Avitsenny [Avicenna Bulletin]*. 2026;28(3):791-802. <https://doi.org/10.25005/2074-0581-2026-28-3-791-802>

ВВЕДЕНИЕ

Современная офтальмология переживает стремительное развитие, благодаря внедрению инновационных методов диагностики и лечения. Традиционные подходы к изучению офтальмологических заболеваний часто не позволяют получить полное представление о механизмах их развития из-за сложного взаимодействия генетических и средовых факторов. В связи с этим, особую значимость приобретают омиксные технологии, обеспечивающие комплексный анализ генетических, протеомных и метаболомных данных [1, 2]. Эти методы позволяют не только глубже понять патогенез заболеваний глаз, но и разрабатывать персонализированные стратегии диагностики и лечения.

Одним из важнейших достижений последних десятилетий стало развитие высокопроизводительных методов секвенирования, которые позволили существенно расширить знания о генетических предрасположенностях к офтальмологическим патологиям. Например, генетический анализ помогает выявить наследственные факторы риска глаукомы, возрастной макулярной дегенерации (ВМД) и миопии, что значительно повышает эффективность ранней диагностики [3, 4]. Кроме того, изучение молекулярных механизмов заболеваний способствует разработке целевых терапевтических стратегий, включая генную терапию и персонализированную фармакогеномику [5, 6].

Глаз обладает особыми биологическими характеристиками, которые делают его удобной моделью для изучения патологических процессов. Одной из таких уникальных особенностей является иммунная привилегированность – феномен, при котором иммунный ответ на трансплантированные клетки и ткани оказывается ослабленным, что значительно снижает вероятность их отторжения [7]. Это свойство открывает новые перспективы для регенеративной медицины, включая использование стволовых клеток в терапии заболеваний глаз. Кроме того, тесная связь глаза с центральной нервной системой делает его ценным объектом для изучения нейродегенеративных заболеваний, таких как болезнь Альцгеймера и болезнь Паркинсона, ранние проявления которых можно выявить на офтальмологическом осмотре [8, 9].

Одним из перспективных направлений молекулярной офтальмологии является изучение слезной жидкости, которая содержит широкий спектр белков, липидов и метаболитов, отражающих состояние глазных тканей. Омиксные технологии, такие как протеомика, липидомика и метаболомика, позволяют анализировать состав слезы и выявлять биомаркеры, связанные с различными патологиями, включая синдром сухого глаза (ССГ), диабетическую ретинопатию (ДР) и воспалительные заболевания глаз [10, 11].

Развитие биоинформатики и вычислительных методов обработки больших данных стало важным фактором прогресса в офтальмологических исследованиях. Создание специализированных баз данных и алгоритмов машинного обучения позволяет эффективно анализировать омиксные данные, прогнозировать развитие заболеваний и разрабатывать новые терапевтические подходы [12, 13] и ускоряет поиск новых лекарственных мишеней [14].

В данной статье рассматриваются основные достижения и перспективы применения омиксных технологий в офтальмологии, их влияние на диагностику и лечение глазных заболеваний, а также существующие вызовы и направления дальнейших исследований в этой области. Обзор литературы был выполнен на основе систематического поиска публикаций за период с 2010 по 2025 годы в базах данных PubMed, Science Direct и eLibrary. В ка-

INTRODUCTION

Modern ophthalmology is rapidly evolving with the introduction of innovative diagnostic and therapeutic methods. Traditional approaches to studying ophthalmic diseases often fail to fully explain the mechanisms underlying their development because of the complex interplay between genetic and environmental factors. In this context, omics technologies have become particularly important because they enable comprehensive analysis of genetic, proteomic, and metabolomic data [1, 2]. These methods not only provide deeper insight into the pathogenesis of ocular diseases but also contribute to the development of personalized diagnostic and therapeutic strategies.

One of the most important advances of recent decades has been the development of high-throughput sequencing methods, which have substantially expanded our knowledge of genetic predisposition to ophthalmic disorders. For example, genetic analysis helps identify hereditary risk factors for glaucoma, age-related macular degeneration (AMD), and myopia, thereby improving the effectiveness of early diagnosis [3, 4]. In addition, investigation of the molecular mechanisms of disease contributes to the development of targeted therapeutic strategies, including gene therapy and personalized pharmacogenomics [5, 6].

The eye possesses several distinctive biological characteristics that make it a convenient model for studying pathological processes. One such unique feature is immune privilege, a phenomenon in which the immune response to transplanted cells and tissues is attenuated, thereby significantly reducing the likelihood of rejection [7]. This property opens new prospects for regenerative medicine, including using stem cells to treat ocular diseases. Furthermore, the close relationship between the eye and the central nervous system makes it a valuable model for studying neurodegenerative disorders such as Alzheimer's disease and Parkinson's disease, whose early manifestations may be detected during ophthalmic examination [8, 9].

One promising area of molecular ophthalmology is the study of tear fluid, which contains a wide range of proteins, lipids, and metabolites reflecting the condition of ocular tissues. Omics technologies such as proteomics, lipidomics, and metabolomics enable analysis of tear composition and the identification of biomarkers associated with various pathological conditions, including dry eye disease (DED), diabetic retinopathy (DR), and inflammatory eye diseases [10, 11].

The development of bioinformatics and computational methods for big data analysis has become an important driver of progress in ophthalmic research. Specialized databases and machine-learning algorithms enable efficient analysis of omics data, prediction of disease development, and the design of novel therapeutic approaches [12, 13], while also accelerating the identification of new drug targets [14].

This article reviews the major achievements and prospects of omics technologies in ophthalmology, their impact on the diagnosis and treatment of ocular diseases, and the current challenges and future research directions in this field. The literature review was based on a systematic search of publications from 2010 to 2025 in PubMed, ScienceDirect, and eLibrary. The keywords used were "omics technologies", "ophthalmology", "genomics", "proteomics", and "metabolomics". Peer-reviewed articles addressing the application of omics technologies to the study of ocular diseases such as glaucoma, AMD, DR, DED, and myopia were selected. Articles containing outdated data or insufficiently detailed methodology were excluded.

честве ключевых слов использовались «омиксные технологии», «офтальмология», «геномика», «протеомика» и «метабономика». В результате были отобраны рецензируемые статьи, посвящённые применению омиксных технологий для изучения заболеваний глаз, таких как глаукома, ВМД, ДР, ССГ и миопия. Статьи, содержащие устаревшие данные или недостаточно детализированные методы, были исключены.

ОМИКСНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ В МЕДИЦИНЕ

Омиксные технологии позволяют проводить всесторонний анализ биологических процессов на различных уровнях организации живых систем. Эти подходы позволяют исследовать молекулярные механизмы, лежащие в основе различных патологических процессов, и разрабатывать персонализированные подходы к диагностике и лечению. Основными направлениями омиксных исследований являются геномика, транскриптомика, протеомика и метабономика, каждая из которых вносит значительный вклад в понимание регуляторных и функциональных особенностей живых систем.

Геномика занимается изучением полной генетической информации организма, включая вариации ДНК, которые могут раскрыть предрасположенность к определённым заболеваниям. Современные методы секвенирования, такие как NGS (Next-Generation Sequencing), позволяют с высокой точностью идентифицировать мутации, связанные с риском онкологических, аутоиммунных и сердечно-сосудистых патологий, а также моногенных заболеваний [15]. Особую роль играет полногеномное и полноэкзомное секвенирование, которое значительно улучшило диагностику редких наследственных болезней, таких как синдром Марфана, муковисцидоз и семейная гиперхолестеринемия, позволяя не только подтвердить диагноз, но и оценить риск осложнений.

Важно отметить и такое направление геномики как фармакогеномика, которая изучает влияние генетических факторов на эффективность и безопасность лекарственных препаратов, что способствует персонализированному подбору терапии [16]. Например, анализ мутаций в генах *CYP2C19* и *CYP2D6* позволяет корректировать дозировки антидепрессантов и антикоагулянтов, что повышает эффективность лечения и снижает риск развития побочных эффектов [17, 18]. Фармакогенетический анализ помогает прогнозировать эффективность таргетной терапии при онкологических заболеваниях, примером может послужить использование иматиниба при хроническом миелоидном лейкозе [19] или эрлотиниба при немелкоклеточном раке лёгкого [20]. Помимо этого, геномика вирусов активно изучается для мониторинга мутаций вирусов, что особенно важно в условиях пандемий и разработки новых вакцин [21, 22].

Транскриптомика направлена на изучение экспрессии генов. При этом анализируются профили РНК, что позволяет оценивать различия в транскрипционной активности между здоровыми и поражёнными тканями. Таким образом, исследователи получают возможность выявить молекулярные механизмы заболеваний и определить потенциальные терапевтические мишени. Современные технологии, такие как секвенирование РНК на уровне отдельных клеток (scRNA-seq), предоставляют ценные данные о клеточной гетерогенности, что особенно важно при исследовании опухолевых процессов и устойчивости к лекарственным препаратам [23]. Например, транскриптомный анализ опухолей молочной железы позволяет классифицировать их, что играет важную роль в выборе наиболее эффективной терапии [24]. Также, результаты

OMICS TECHNOLOGIES IN MEDICINE

omics technologies enable comprehensive analysis of biological processes at different levels of organization of living systems. These approaches allow investigation of the molecular mechanisms underlying various pathological processes and the development of personalized diagnostic and therapeutic strategies. The major areas of omics research include genomics, transcriptomics, proteomics, and metabolomics, each of which contributes substantially to understanding the regulatory and functional characteristics of living systems.

Genomics focuses on the complete genetic information of an organism, including DNA variations that may indicate a predisposition to particular diseases. Modern sequencing methods, such as next-generation sequencing (NGS), enable highly accurate identification of mutations associated with cancer risk, autoimmune and cardiovascular diseases, and monogenic disorders [15]. Whole-genome and whole-exome sequencing play a particularly important role and have significantly improved the diagnosis of rare inherited disorders such as Marfan syndrome, cystic fibrosis, and familial hypercholesterolemia, allowing not only diagnosis confirmation but also assessment of complication risk.

Another important area of genomics is pharmacogenomics, which investigates how genetic factors influence medication efficacy and safety and thereby facilitates personalized therapy selection [16]. For example, analyzing mutations in the *CYP2C19* and *CYP2D6* genes makes it possible to adjust dosages of antidepressants and anticoagulants, improving treatment efficacy and reducing the risk of adverse effects [17, 18]. Pharmacogenetic analysis also helps predict the effectiveness of targeted therapy in cancer. Examples include imatinib in chronic myeloid leukemia [19] and erlotinib in non-small cell lung cancer [20]. In addition, viral genomics is used to monitor viral mutations, which is particularly important during pandemics and in developing new vaccines [21, 22].

Transcriptomics is focused on the study of gene expression. Researchers analyze RNA profiles to assess differences in transcriptional activity between healthy and affected tissues. This enables researchers to identify disease-related molecular mechanisms and potential therapeutic targets. Modern technologies such as single-cell RNA sequencing (scRNA-seq) provide valuable information on cellular heterogeneity, which is particularly important in studies of tumor biology and drug resistance [23]. For example, transcriptomic analysis of breast tumors allows their molecular classification, which plays an important role in selecting the most effective therapy [24]. Transcriptomic findings may also be applied in preclinical studies of novel medications and dietary interventions for overweight using in vivo models. In addition, they may help identify clinical predictors and markers of metabolic disorders in patients receiving personalized therapy [25].

Proteomics investigates the protein composition of a cell or organism, including protein structure, function, and post-translational modifications. Changes in protein profiles may indicate various pathological processes. For example, proteomic analysis of blood plasma from patients with Alzheimer's disease has identified proteins whose concentrations change during the early stages of the disease [26]. In oncology, identifying protein biomarkers such as prostate-specific antigen (PSA) in prostate cancer [27] and CA-125 in ovarian cancer [28] improves diagnostic accuracy and clinical prognosis. Advances in mass spectrometry and

транскриптомных исследований могут быть применены в доклинических испытаниях новых лекарственных средств и методов диетотерапии при избыточной массе тела на *in vivo* моделях. Кроме того, они могут помочь в выявлении клинических предикторов и маркёров метаболических расстройств у пациентов, получающих персонализированную терапию [25].

Протеомика занимается исследованием белкового состава клетки или организма, оценивая структуру, функции и посттрансляционные модификации белков. Изменения в белковом профиле могут служить индикаторами различных патологических процессов. Например, протеомный анализ плазмы крови пациентов с болезнью Альцгеймера позволил выявить белки, концентрация которых изменяется на ранних стадиях заболевания [26]. В онкологии идентификация белков-биомаркёров, таких как PSA при раке простаты [27] и CA-125 при раке яичников [28], способствует повышению точности диагностики и улучшению клинического прогноза. Развитие технологий масс-спектрометрии и аналитики белков продолжает расширять возможности применения протеомики в медицине.

Метабономика сосредоточена на изучении малых молекул, участвующих в биохимических процессах. Метаболомные исследования позволяют не только выявлять специфические маркёры для ранней диагностики, но и прогнозировать течение болезней, а также оценивать эффективность терапии. Например, анализ метаболического профиля помогает обнаруживать изменения, ассоциированные с сахарным диабетом II типа, что способствует своевременному выбору оптимальных методов лечения [29]. В гастроэнтерологии метаболомный подход используется для идентификации биомаркёров воспалительных заболеваний кишечника, таких как болезнь Крона и язвенный колит, а также для разработки персонализированных диетологических стратегий, направленных на улучшение состояния пациентов [30, 31].

Таким образом, омиксные технологии играют важную роль в исследовательском процессе, благодаря интеграции данных на разных уровнях организации биологических систем.

ОМИКСНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ В ОФТАЛЬМОЛОГИИ

Геномика. Современные геномные исследования направлены на изучение генетических факторов, влияющих на развитие многих заболеваний, особенно приводящих к слепоте, таких как ВМД, глаукома, катаракта, ДР. Применение технологий секвенирования нового поколения позволило значительно расширить знания о генетических вариантах, связанных с наследственными заболеваниями глаз, и выявить ключевые молекулярные механизмы их патогенеза.

Особое внимание уделяется поиску генетических маркёров, предсказывающих риск развития заболеваний. В крупных полногеномных исследованиях ВМД было идентифицировано более 60 генетических вариантов, ассоциированных с заболеванием. Выявленные варианты расположены в генах, отвечающих за регуляцию и функции комплемента, иммунный ответ, метаболизм липидов, ангиогенез и ремоделирование внеклеточного матрикса [32]. В генетическом исследовании первичной открытоугольной глаукомы (ОУГ) было выявлено 263 локуса, связанного с риском развития данного заболевания у лиц европейского происхождения и 312 локусов при проведении анализа в смешанной этнической группе. Авторами выделено 69 потенциальных терапевтических мишеней, например, ген *ENG*, мутации которого связаны с нарушением функции зрительного нерва, а его ингибитор каротуксимаб в настоящее время рассматривается

protein analytics continue to expand proteomics applications in medicine.

Metabolomics focuses on the study of small molecules involved in biochemical processes. Metabolomic studies enable not only the identification of specific biomarkers for early diagnosis but also the prediction of disease progression and the assessment of therapeutic efficacy. For example, metabolic profile analysis can detect changes associated with type 2 diabetes mellitus, facilitating timely selection of optimal treatment strategies [29]. In gastroenterology, metabolomic approaches identify biomarkers of inflammatory bowel diseases, including Crohn's disease and ulcerative colitis, and help develop personalized dietary strategies to improve patient outcomes [30, 31].

Thus, omics technologies play an important role in biomedical research by integrating data obtained at different levels of biological organization.

OMICS TECHNOLOGIES IN OPHTHALMOLOGY

Genomics. Modern genomic research aims to investigate genetic factors that contribute to the development of numerous diseases, particularly those leading to blindness, such as AMD, glaucoma, cataract, and DR. Next-generation sequencing technologies have greatly expanded knowledge of genetic variants associated with inherited eye diseases and helped identify key molecular mechanisms underlying their pathogenesis.

Researchers are paying particular attention to identifying genetic markers that can predict disease risk. Large genome-wide studies of AMD have identified more than 60 genetic variants associated with the disease. These variants are located in genes involved in complement regulation and function, immune response, lipid metabolism, angiogenesis, and extracellular matrix remodeling [32]. In a genetic study of primary open-angle glaucoma (POAG), researchers identified 263 loci associated with disease risk in individuals of European ancestry and 312 loci in a multiethnic analysis. The authors identified 69 potential therapeutic targets, including the *ENG* gene, mutations in which are associated with impaired optic nerve function, while its inhibitor carotuximab is currently being considered as a potential treatment for neurodegenerative ophthalmic diseases. The *TEK* gene, whose mutations are associated with congenital glaucoma, was also identified [33].

A recent meta-analysis of genome-wide association studies identified 22 genetic variants associated with normal-tension glaucoma, 17 of which were reported for the first time. The authors drew particular attention to the *BMP4* and *TBKBP1* loci, which they identified as potentially involved in the pathogenesis of the disease [34]. In another study, the authors identified 17 single-nucleotide polymorphisms associated with glaucoma development through pathogenic mechanisms unrelated to elevated intraocular pressure [35]. A meta-analysis of diabetic retinopathy studies demonstrated that findings from genome-wide association studies are often not confirmed in independent replication studies, reducing the reliability of such associations. The authors demonstrated a role of the *TCF7L2* gene in the pathogenesis of DR through regulation of retinal neovascularization and through pharmacological responses to glucose-lowering medications [36].

Genomics is also actively used to investigate the heritability and molecular mechanisms of myopia. Studies show that the heritability of myopia may reach 90-98%, whereas currently identified variants explain only 20-25% of genetic variability [37]. This

как препарат для терапии нейродегенеративных офтальмологических заболеваний. Также был идентифицирован ген *TEK*, мутации которого связаны с врождённой глаукомой [33].

В недавнем метаанализе полногеномных исследований было обнаружено 22 генетических варианта, ассоциированных с глаукомой нормального давления, из которых 17 были описаны впервые. Особого внимания заслуживают локусы *BMP4* и *TBKBP1*, которые были выделены как играющие роль в патогенезе заболевания [34]. В другом исследовании авторы выявили 17 однонуклеотидных полиморфизмов, связанных с развитием глаукомы через патогенетические механизмы, не связанные с повышенным внутриглазным давлением [35]. В проведённом метаанализе было установлено, что результаты полногеномных исследований для ДР часто не подтверждаются независимыми репликационными исследованиями, что снижает их достоверность. Авторы показали роль гена *TCF7L2* в патогенезе ДР через регуляцию неоваскуляризации сетчатки, а также через фактологический ответ на гипогликемические препараты [36].

Геномика также активно используется для изучения наследственности и молекулярных механизмов миопии. Исследования показали, что наследуемость миопии может достигать 90-98%, при этом только 20-25% генетической изменчивости объясняются выявленными вариантами [37]. Это указывает на значительную роль редких генетических вариаций и влияния факторов окружающей среды, таких как работа на близком расстоянии и уровень образования. Основные молекулярные пути, связанные с миопией, включают ремоделирование внеклеточного матрикса склеры, регулирующего развитие глазного яблока.

Геномные данные также используются в генотерапии для лечения наследственных заболеваний сетчатки, таких как амавроз Лебера. Внедрение нормальных копий генов с помощью вирусных векторов привело к значительному улучшению зрения у пациентов, демонстрируя потенциал геномики в терапии ранее неизлечимых заболеваний [38].

Протеомика позволяет точнее понять механизмы изменений в белковом составе тканей и жидкостей глаза, происходящих при патологических процессах или под влиянием терапии. Слеза является удобным биоматериалом для исследований, благодаря неинвазивному забору и низкому содержанию фоновых белков, что облегчает поиск маркёров. На сегодня известно более 1600 протеинов слезы, и среди наиболее часто встречающихся – иммуноглобулин А, лактоферрин, липокалин-1 и пролактин-индуцируемый белок, играющие ключевые роли в защите и увлажнении глазной поверхности [39].

Исследования протеома при первичной ОУГ показали значительные изменения в составе слёзной жидкости и влаги передней камеры. На ранних стадиях болезни в слезе выявляют повышенный уровень воспалительных белков, таких как S100 [40]. Однако более ценным материалом для анализа считается влага передней камеры, которая напрямую контактирует с дренажной системой глаза. Протеомный анализ влаги передней камеры у пациентов с первичной ОУГ выявил такие ключевые протеины, как аполипопротеины D (APOD), A4 (APOA4), E (APOE), C1 (APOC1) и C3 (APOC3), которые также присутствуют в сетчатке и стекловидном теле при глаукоме, что делает их перспективными биомаркёрами [41]. Помимо аполипопротеинов, во влаге передней камеры выявлены и другие белки, связанные с патогенезом глаукомы. Например, наблюдалось накопление бета-амилоида (A β), связанного с развитием болезни Альцгеймера.

У пациентов с катарактой во влаге передней камеры было определено наличие 44 белков, таких как α -кристаллин А, цито-

suggests a substantial contribution from rare genetic variants and environmental factors such as near work and educational exposure. The major molecular pathways associated with myopia include remodeling of the scleral extracellular matrix, which regulates ocular growth.

Genomic data are also used in gene therapy for inherited retinal diseases such as Leber congenital amaurosis. Introducing normal copies of genes using viral vectors has substantially improved vision in affected patients, demonstrating the potential of genomics to treat previously incurable diseases [38].

Proteomics provides a more detailed understanding of changes in the protein composition of ocular tissues and fluids occurring during pathological processes or in response to therapy. Tears are a convenient biological material for research because they can be collected non-invasively and contain relatively low levels of background proteins, facilitating biomarker discovery. To date, researchers have identified more than 1,600 tear proteins. Among the most abundant are immunoglobulin A, lactoferrin, lipocalin-1, and prolactin-inducible protein, all of which play important roles in protection and lubrication of the ocular surface [39].

Proteomic studies in POAG have demonstrated substantial changes in the composition of tear fluid and aqueous humor. At early stages of the disease, elevated levels of inflammatory proteins, such as S100, have been detected in tears [40]. However, aqueous humor is considered a more valuable material for analysis because it is in direct contact with the ocular drainage system. Proteomic analysis of aqueous humor from patients with POAG identified key proteins such as apolipoproteins D (APOD), A4 (APOA4), E (APOE), C1 (APOC1), and C3 (APOC3), which are also present in the retina and vitreous humor in glaucoma, making them promising biomarkers [41]. In addition to apolipoproteins, other proteins associated with glaucoma pathogenesis have been identified in aqueous humor. For example, accumulation of beta-amyloid (A β), which is associated with the development of Alzheimer's disease, has been observed.

In patients with cataract, researchers identified 44 proteins in the aqueous humor, including α -crystallin A, cytokeratins, and β -crystallins [42]. These proteins are normally components of the crystalline lens but appear in the aqueous humor as the disease progresses because the lens structurally degrades [43].

Recent studies have shown that clusterin in aqueous humor may serve as a biomarker of AMD progression, with elevated levels detected in patients with the neovascular form of the disease. Proteomic analysis identified 39 proteins associated with neovascularization, including factors involved in lipid metabolism, oxidative stress, and angiogenesis; patients resistant to anti-VEGF therapy showed increased VEGFR-1 levels. Exosome analysis also demonstrated accumulation of APOA1, clusterin, and complement C3 in patients with AMD. In contrast, reduced levels of plasminogen activator inhibitor (SERPINA1) and zinc-alpha-2-glycoprotein (AZGP1) were proposed as potential markers of response to anti-VEGF therapy [44].

Proteomics also contributes to assessing treatment efficacy. For example, analysis of tear fluid after cyclosporine A therapy for DED revealed changes in 54 proteins associated with immune responses [45]. In patients with proliferative DR, ranibizumab therapy was associated with changes in the expression of 38 proteins involved in immune processes and circadian rhythm regulation [46].

Metabolomics, as an approach for studying metabolites in biological systems, has substantially contributed to understand-

кератины, β -кристаллины [42]. Эти протеины изначально входят в состав хрусталика, но при прогрессировании заболевания появляются в водянистой влаге в результате разрушения его структуры [43].

Недавние исследования показали, кластерин в водянистой влаге может быть биомаркером прогрессирования ВМД, его уровень был повышен у пациентов с неоваскулярной формой заболевания. Протеомный анализ выявил 39 белков, связанных с неоваскулогенезом, включая факторы липидного метаболизма, окислительного стресса и ангиогенеза; повышение VEGFR-1 было отмечено у пациентов, устойчивых к терапии анти-VEGF. Анализ экзосом также показал накопление APOA1, кластерина и комплемента C3 у пациентов с ВМД, а снижение ингибитора активатора плазминогена (SERPINA1) и цинк-альфа-2-гликопротеина (AZGP1) предлагалось в качестве потенциального маркера эффективности анти-VEGF терапии [44].

Протеомика также помогает оценивать эффективность лечения. Например, анализ слёзной жидкости после применения циклоспорина А при лечении ССГ выявил изменения в 54 белках, связанных с иммунным ответом [45]. У пациентов с пролиферативной ДР после терапии ранибизумабом наблюдались изменения в экспрессии 38 белков, участвующих в иммунных процессах и регуляции циркадного ритма [46].

Метабомика, как метод исследования метаболитов в биологических системах, оказывает значительное влияние на понимание механизмов различных заболеваний глаз. Одной из особенностей применения метаболомики в офтальмологии является наличие уникального состава метаболитов в глазных тканях, который отличается от общего обмена веществ в организме. Это позволяет исследовать локальные обменные процессы, которые в меньшей степени подвержены влиянию на них организма в целом. Важной задачей является описание нормального состава метаболитов в средах глаза. В недавних исследованиях, например, было идентифицировано более 60 метаболитов в слёзной жидкости. Среди них – ацилкарнитины, аминокислоты, биогенные амины и глицерофосфолипиды [47]. Эти вещества играют важную роль в поддержании структуры клеточных мембран и обмене веществ в глазу.

Исследования показали значительное увеличение концентрации глюкозы, лактата и креатина в слёзной жидкости у пациентов с ССГ, что свидетельствует о повышенной активности энергетического обмена. Зафиксировано возрастание уровней яблочной и молочной кислот, а также пирувата, что указывает на активацию процессов гликолиза и глюконеогенеза. Анализ протеома выявил усиление синтеза ферментов гликолиза, включая альфа-энолазу, фосфоглицераткиназу и альдолазу А. Также было установлено активное формирование аминокислот и интенсивный метаболизм глутатиона [48].

Основной метаболической особенностью первичной ОУГ является нарушение аминокислотного обмена. Особенно важна роль аргинина, участвующего в синтезе оксида азота, который регулирует динамику внутриглазной жидкости, кровотока и апоптоз ганглиозных клеток сетчатки. Также были выявлены нарушения метаболизма биотина и синтеза спермидина и спермина, связанных с функционированием митохондрий и апоптозом. Среди биомаркеров глаукомы стоит отметить глицин, влияющий на нейротрансмиссию и окислительный стресс [49].

Метабомика активно используется и для диагностики ДР. Метаболизм аминокислот играет важную роль в защите эндотелиальных клеток при ДР. Анализ метаболитов в стекловидном теле показал снижение уровней промежуточных продуктов гли-

ding the mechanisms of various ocular diseases. One distinctive feature of metabolomics in ophthalmology is the unique metabolite composition of ocular tissues, which differs from systemic metabolism. This makes it possible to investigate local metabolic processes that are less influenced by the body's overall metabolic status. An important objective is to characterize the normal metabolite composition of ocular fluids and tissues. Recent studies, for example, have identified more than 60 metabolites in tear fluid, including acylcarnitines, amino acids, biogenic amines, and glycerophospholipids [47]. These compounds play important roles in maintaining cell membrane structure and ocular metabolism.

Studies have shown significantly increased concentrations of glucose, lactate, and creatine in the tear fluid of patients with DED, suggesting increased energy metabolism. Elevated levels of malic acid, lactic acid, and pyruvate have also been reported, indicating activation of glycolysis and gluconeogenesis. Proteomic analysis revealed increased synthesis of glycolytic enzymes, including alpha-enolase, phosphoglycerate kinase, and aldolase A. Increased amino acid synthesis and intensified glutathione metabolism were also observed [48].

A major metabolic feature of POAG is altered amino acid metabolism. Arginine is particularly important because it is involved in nitric oxide synthesis, which regulates aqueous humor dynamics, ocular blood flow, and apoptosis of retinal ganglion cells. Disturbances in biotin metabolism and in the synthesis of spermidine and spermine, which are associated with mitochondrial function and apoptosis, have also been identified. Glycine, which affects neurotransmission and oxidative stress, should also be considered a potential biomarker of glaucoma [49].

Metabolomics is also actively used in the diagnosis of DR. Amino acid metabolism plays an important role in protecting endothelial cells in this disease. Analysis of vitreous metabolites has demonstrated reduced levels of glycolytic intermediates such as glyceraldehyde-3-phosphate and 2/3-phosphoglycerate, indicating impaired cellular energy metabolism that may contribute to retinal hypoxia. These metabolites may therefore serve as biomarkers for diagnosing and treating DR [50].

Transcriptomics. Single-cell RNA sequencing (scRNA-seq) is widely used to investigate cell types in the human and laboratory animal retina, retinal pigment epithelium, and choroid. This method is also applied to studies of the anterior segment of the eye, including the cornea, conjunctiva, iris, ciliary body, lens, and trabecular meshwork. For example, transcriptomic analysis of these structures has provided unique data on limbal stem cell populations and their role in maintaining corneal and conjunctival homeostasis [51].

Transcriptomic studies have revealed disease-specific changes in gene expression across a range of ocular disorders. For example, models of retinitis pigmentosa have demonstrated photoreceptor degeneration, activation of immune responses and glial cells, and impaired neurogenesis [52]. In AMD, altered expression of genes involved in angiogenesis and cholesterol metabolism has been identified [53], whereas in DR, transcriptomic changes have been associated with oxidative stress [54]. These findings provide deeper insight into the molecular mechanisms underlying the pathogenesis of these disorders.

In addition, transcriptomics is widely used to investigate gene expression in the corneal epithelium of patients with keratoconus, retinal ganglion cells in glaucoma, the developing lens, and rod and cone photoreceptors. Such studies have enabled the

колиза, таких как глицеральдегид-3-фосфат и 2/3-фосфоглицерат, что указывает на нарушения в энергетическом обмене клеток, приводящих к гипоксии сетчатки. Эти метаболиты могут быть использованы как биомаркеры для диагностики и лечения ДР [50].

Транскриптомика. Метод секвенирования РНК единичных клеток (scRNA-seq) активно используется для изучения клеточных типов сетчатки, пигментного эпителия сетчатки и сосудистой оболочки глаза у человека и у лабораторных животных. Этот метод также применяется для исследования переднего отрезка глаза, включая роговицу, конъюнктиву, радужку, цилиарное тело, хрусталик и трабекулярную сеть. Например, анализ транскриптома этих структур позволил получить уникальные данные о популяциях стволовых клеток лимба и их роли в поддержании гомеостаза роговицы и конъюнктивы [51].

Транскриптомные исследования выявили изменения экспрессии генов при различных заболеваниях глаз. Например, при моделях пигментного ретинита были зафиксированы дегенеративные процессы в фоторецепторах, активация иммунного ответа и глиальных клеток, а также нарушения нейрогенеза [52]. В случае ВМД обнаружена активность генов, связанных с ангиогенезом, метаболизмом холестерина [53], а при ДР – с окислительным стрессом [54]. Эти данные помогают глубже понять молекулярные механизмы патогенеза данных заболеваний.

Кроме того, транскриптомика активно применяется для изучения экспрессии генов в эпителии роговицы у пациентов с кератоконусом, в ганглиозных клетках сетчатки при глаукоме, в процессе развития хрусталика, а также в палочковых и колбочковых фоторецепторах. Такие исследования позволили идентифицировать новые гены, вовлечённые в развитие офтальмологических заболеваний, ключевые сигнальные пути и потенциальные терапевтические мишени.

Транскриптомика имеет огромный потенциал в прогнозировании прогрессирования заболеваний и ответа на лечение. Анализ профилей экспрессии генов позволяет выявлять изменения, связанные с прогрессированием болезней, таких как дегенерация фоторецепторов, метаболические сдвиги, активация иммунного ответа и глиальных клеток. Например, транскриптомный анализ выявил гены, ассоциированные с лечением географической атрофии препаратом пегцетакоплан, включая изменения в состоянии пигментного эпителия сетчатки, целостности фоторецепторов и гиперрефлективных очагов.

Также транскриптомные исследования позволяют находить биомаркеры для диагностики и прогноза лечения. Специфические изменения экспрессии генов, например, в сетчатке, могут быть ассоциированы с прогрессированием ДР. Это открывает перспективы персонализированной медицины: анализируя индивидуальные профили экспрессии генов, врачи смогут точнее прогнозировать течение заболевания и подбирать наиболее эффективное лечение. Такой подход позволяет разрабатывать персонализированные стратегии лечения, основанные на уникальном молекулярном профиле пациента.

Кроме того, результаты транскриптомных исследований можно подтверждать с помощью генетических ассоциационных исследований. Это помогает лучше понять причинно-следственные связи и отделить их от простых корреляций. Однако существует ряд сложностей, таких как ограниченные размеры выборок, наличие факторов, связанных с длительностью заболевания или лечения, что может усложнять анализ транскриптомных данных.

identification of novel genes involved in ocular disease, key signaling pathways, and potential therapeutic targets.

Transcriptomics also has considerable potential for predicting disease progression and treatment response. Analysis of gene-expression profiles can identify molecular changes associated with disease progression, including photoreceptor degeneration, metabolic alterations, and activation of immune and glial responses. For example, transcriptomic analysis has identified genes associated with the response to pegcetacoplan therapy for geographic atrophy, including changes related to retinal pigment epithelium status, photoreceptor integrity, and hyperreflective foci.

Transcriptomic studies can also facilitate the identification of biomarkers for diagnosis and prediction of treatment response. Specific changes in retinal gene expression, for example, may be associated with the progression of DR. This creates opportunities for personalized medicine, as analysis of individual gene-expression profiles may enable clinicians to predict disease course more accurately and select the most effective therapy. Such an approach may support the development of personalized treatment strategies based on the individual molecular profile of each patient.

Furthermore, transcriptomic findings can be complemented and validated by genetic association studies. This may help clarify causal relationships and distinguish them from simple correlations. However, several challenges remain, including limited sample sizes and confounding factors related to disease duration and previous or ongoing treatment, which may complicate the interpretation of transcriptomic data.

CONCLUSION

Over the past decade, omics research has expanded rapidly in ophthalmology, particularly in the field of genomics. AMD and glaucoma are among the most extensively studied ocular diseases. Large-scale genome-wide studies have improved our understanding of disease heritability, which is particularly important for multifactorial disorders. However, for many ophthalmic diseases, the potential of genome-wide studies remains limited by relatively small sample sizes. At present, predictive models are most often based primarily on genetic and environmental factors. However, incorporation of a broader range of omics data is expected to improve their predictive performance. Integration of multi-omics data may also provide a more comprehensive understanding of pathogenetic mechanisms, which is especially important in multifactorial diseases. This approach has already demonstrated substantial value in oncology, suggesting that omics technologies may likewise contribute significantly to improving the diagnosis and treatment of ocular diseases.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

За последнее десятилетие в офтальмологии активно развиваются омиксные исследования, особенно в области геномики. Среди наиболее изученных патологий можно отметить ВМД и глаукому. Проведённые широкомасштабные полногеномные исследования позволили лучше оценить наследуемость, что особенно важно для многофакторных заболеваний. К сожалению, для многих офтальмологических патологий возможности полногеномных исследований пока ограничены вследствие не-

большого размера выборки. Чаще всего прогностические модели в основном строятся на основании генетических и средовых факторов, однако включение большего количества омиксных данных должно повысить прогностическую мощность таких моделей. Интеграция омиксных данных позволит глубже понять патогенетические механизмы, что особенно важно для многофакторных заболеваний. Такой подход уже показал свою эффективность в изучении онкологических заболеваний, поэтому омиксные технологии могут значительно улучшить диагностику и лечение заболеваний глаз.

ЛИТЕРАТУРА

1. Fucito M, Spedicato M, Felletti S, Yu AC, Busin M, Pasti L, et al. A look into ocular diseases: The pivotal role of omics sciences in ophthalmology research. *ACS Meas Sci Au*. 2024;4(3):247-59. <https://doi.org/10.1021/acsmesuresci.3c00067>
2. Зайцева НВ, Землянова МА, Долгих ОВ. Геномные, транскриптомные и протеомные технологии как современный инструмент диагностики нарушений здоровья, ассоциированных с воздействием факторов окружающей среды. *Гигиена и санитария*. 2020;99(1):6-12. <https://doi.org/10.47470/0016-9900-2020-99-1-6-12>
3. Катаргина ЛА, Кадышев ВВ, Сорокин АА, Плесскова АВ, Зинченко РА. Генетические варианты врождённой глаукомы. Анализ литературы и описание клинического случая. *Российский офтальмологический журнал*. 2022;15(1):105-8. <https://doi.org/10.21516/2072-0076-2022-15-1-105-108>
4. Эфендиева МХ, Будзинская МВ, Кадышев ВВ, Зинченко РА, Савочкина ОА, Пупышева АД. Молекулярно-генетические аспекты возрастной макулярной дегенерации и глаукомы. *Вестник офтальмологии*. 2019;135(3):121-7. <https://doi.org/10.17116/oftalma2019135031121>
5. Айтбаев КА, Муркамилов ИТ, Муркамилова ЖА, Юсупов ФА. Генная терапия болезней человека: последние достижения и ближайшие перспективы развития. *Архив внутренней медицины*. 2022;12(5):363-9. <https://doi.org/10.20514/2226-6704-2022-12-5-363-369>
6. Сычёв ДА, Мирзаев КБ, Денисенко НП. Перспективы развития в России фармакогенетики для персонализации фармакотерапии. *Российский журнал персонализированной медицины*. 2023;3(5):39-45. <https://doi.org/10.18705/2782-3806-2023-3-5-39-45>
7. Труфанов СВ, Суббот АМ, Малозен СА, Крахмалева ДА. Гипотеза иммунной привилегии роговицы и патофизиология отторжения кератотрансплантата. *Вестник офтальмологии*. 2016;132(5):117-24. <https://doi.org/10.17116/oftalma20161325117-124>
8. Фурсова АЖ, Гамза ЮА, Зубкова МЮ, Дербенёва АС, Доронина ОБ, Доронина КС. Офтальмологическая диагностика в дебюте и при прогрессировании нейродегенеративных заболеваний. *Российский офтальмологический журнал*. 2021;14(1):104-10. <https://doi.org/10.21516/2072-0076-2021-14-1-104-110>
9. Colligris P, Perez de Lara MJ, Colligris B, Pintor J. Ocular manifestations of alzheimer's and other neurodegenerative diseases: The prospect of the eye as a tool for the early diagnosis of Alzheimer's Disease. *J Ophthalmol*. 2018;8538573. <https://doi.org/10.1155/2018/8538573>
10. Крылова АА, Захарчук АВ, Кривошеина ОИ, Пеков СИ, Попов ИА. Перспективы применения протеомного анализа в офтальмологии. *Клиническая офтальмология*. 2023;23(4):213-8. <https://doi.org/10.32364/2311-7729-2023-23-4-7>
11. Тахауова ЛР, Кривошеина ОИ, Попов ИА. Протеомный анализ слезы как перспективный метод диагностики синдрома сухого глаза. *Офтальмология*. 2024;21(2):264-9. <https://doi.org/10.18008/1816-5095-2024-2-264-269>

REFERENCES

1. Fucito M, Spedicato M, Felletti S, Yu AC, Busin M, Pasti L, et al. A look into ocular diseases: The pivotal role of omics sciences in ophthalmology research. *ACS Meas Sci Au*. 2024;4(3):247-59. <https://doi.org/10.1021/acsmesuresci.3c00067>
2. Zaytseva NV, Zemlyanova MA, Dolgikh OV. Genomnye, transkriptomnye i proteomnye tekhnologii kak sovremennyy instrument diagnostiki narusheniy zdorov'ya, assotsirovannykh s vozdeystviem faktorov okruzhayushchey sredy [Genomic, transcriptomic and proteomic technologies as a modern tool for health disorders diagnostics, associated with the impact of environmental factors]. *Gigiena i sanitariya*. 2020;99(1):6-12. <https://doi.org/10.47470/0016-9900-2020-99-1-6-12>
3. Katargina LA, Kadyshchev VV, Sorokin AA, Pleskova AV, Zinchenko RA. Geneticheskie varianty vrozhdyonnoy glaukomy. Analiz literatury i opisaniye klinicheskogo sluchaya [Genetic variants of congenital glaucoma. Analysis of the literature and description of the clinical case]. *Rossiyskiy oftal'mologicheskii zhurnal*. 2022;15(1):105-8. <https://doi.org/10.21516/2072-0076-2022-15-1-105-108>
4. Efendieva MKH, Budzinskaya MV, Kadyshchev VV, Zinchenko RA, Savochkina OA, Pupyshcheva AD. Molekulyarno-geneticheskie aspekty vozrastnoy makulyarnoy degeneratsii i glaukomy [Molecular and genetic aspects of age-related macular degeneration and glaucoma]. *Vestnik oftal'mologii*. 2019;135(3):121-7. <https://doi.org/10.17116/oftalma2019135031121>
5. Aytbaev KA, Murkamilov IT, Murkamilova Zha, Yusupov FA. Gennaya terapiya bolezney cheloveka: poslednie dostizheniya i blizhayshie perspektivy razvitiya [Gene therapy for human diseases: Recent achievements and near-term development prospects]. *Arkhiv vnutrenney meditsiny*. 2022;12(5):363-9. <https://doi.org/10.20514/2226-6704-2022-12-5-363-369>
6. Sychyov DA, Mirzaev KB, Denisenko NP. Perspektivy razvitiya v Rossii farmakogenetiki dlya personalizatsii farmakoterapii [Prospects for the development of pharmacogenetics in Russia for the personalization of pharmacotherapy]. *Rossiyskiy zhurnal personalizirovannoy meditsiny*. 2023;3(5):39-45. <https://doi.org/10.18705/2782-3806-2023-3-5-39-45>
7. Trufanov SV, Subbot AM, Malozhen SA, Krakhmaleva DA. Gipoteza immunnyy privilegii rogovitsy i patofiziologiya ottorzheniya keratotransplantata [Hypothesis of immune privilege of the cornea and pathophysiology of graft rejection]. *Vestnik oftal'mologii*. 2016;132(5):117-24. <https://doi.org/10.17116/oftalma20161325117-124>
8. Fursova AZh, Gamza YuA, Zubkova MYu, Derbenyova AS, Doronina OB, Doronina KS, i dr. Oftal'mologicheskaya diagnostika v debute i pri progressirovaniy neyrodegenerativnykh zabolevaniy [Ophthalmic examination in the debut and during progression of neurodegenerative diseases]. *Rossiyskiy oftal'mologicheskii zhurnal*. 2021;14(1):104-10. <https://doi.org/10.21516/2072-0076-2021-14-1-104-110>
9. Colligris P, Perez de Lara MJ, Colligris B, Pintor J. Ocular manifestations of alzheimer's and other neurodegenerative diseases: The prospect of the eye as a tool for the early diagnosis of Alzheimer's Disease. *J Ophthalmol*. 2018;8538573. <https://doi.org/10.1155/2018/8538573>
10. Krylova AA, Zakharchuk AV, Krivosheina OI, Pekov SI, Popov IA. Perspektivy primeneniya proteomnogo analiza v oftalmologii [Perspectives of proteomic analysis in ophthalmology]. *Klinicheskaya oftal'mologiya*. 2023;23(4):213-8. <https://doi.org/10.32364/2311-7729-2023-23-4-7>
11. Takhauova LR, Krivosheina OI, Popov IA. Proteomnyy analiz slezy kak perspektivnyy metod diagnostiki sindroma sukhogo glaza [Proteomic analysis of tears as a promising method for diagnosing dry eye syndrome]. *Oftal'mologiya*. 2024;21(2):264-9. <https://doi.org/10.18008/1816-5095-2024-2-264-269>

12. Lauwen S, de Jong EK, Lefeber DJ, den Hollander A. Omics biomarkers in ophthalmology. *Invest Ophthalmol Vis Sci.* 2017;58(6):88-98. <https://doi.org/10.1167/iov.17-21809>
13. Pucchio A, Krance SH, Pur DR, Bhatti J, Bassi A, Manichavagan K, et al. Applications of artificial intelligence and bioinformatics methodologies in the analysis of ocular biofluid markers: A scoping review. *Graefes Arch Clin Exp Ophthalmol.* 2024;262(4):1041-91. <https://doi.org/10.1007/s00417-023-06100-6>
14. Valdivia AO, He Y, Ren X, Wen D, Dong L, Nazari H, et al. Probable treatment targets for diabetic retinopathy based on an integrated proteomic and genomic analysis. *Transl Vis Sci Technol.* 2023;12(2):8. <https://doi.org/10.1167/tvst.12.2.8>
15. Баранов ВС. Геномика и предиктивная медицина. *Сибирский журнал клинической и экспериментальной медицины.* 2021;36(4):14-28. <https://doi.org/10.29001/2073-8552-2021-36-4-14-28>
16. Леонова МВ. Стратегия и технологии распространения и внедрения фармакогеномики в клиническую практику: зарубежный опыт. *Фармакогенетика и фармакогеномика.* 2024;1:44-52. <https://doi.org/10.37489/2588-0527-2024-1-44-52>
17. Hirota T, Eguchi S, Ieiri I. Impact of genetic polymorphisms in CYP2C9 and CYP2C19 on the pharmacokinetics of clinically used drugs. *Drug Metab Pharmacokinet.* 2013;28(1):28-37. <https://doi.org/10.2133/dmpk.dmpk-12-rv-085>
18. Milosavljevic F, Bukvic N, Pavlovic Z, Miljevic C, Pešić V, Molden E, et al. Association of CYP2C19 and CYP2D6 poor and intermediate metabolizer status with antidepressant and antipsychotic exposure: A systematic review and meta-analysis. *JAMA Psychiatry.* 2021;78(3):270-80. <https://doi.org/10.1001/jamapsychiatry.2020.3643>
19. Barratt D, Somogyi A. Role of pharmacogenetics in personalised imatinib dosing. *Transl Cancer Res.* 2017;6(Suppl 10):1541-57. <https://doi.org/10.21037/tcr.2017.09.08>
20. Wang C, Chen F, Liu Y, Xu Q, Guo L, Zhang X, et al. Genetic association of drug response to erlotinib in chinese advanced non-small cell lung cancer patients. *Front Pharmacol.* 2018;9:360. <https://doi.org/10.3389/fphar.2018.00360>
21. Kieft K, Anantharaman K. Virus genomics: What is being overlooked? *Curr Opin Virol.* 2022;53:101200. <https://doi.org/10.1016/j.coviro.2022.101200>
22. Жирнов ОП. Уникальный геном вируса и альтернативные стратегии его реализации. *Acta Naturae.* 2023;15(2):14-9. <https://doi.org/10.32607/actanaturae.11904>
23. Водясова ЕА, Челебиева ЭС, Кулешова ОН. Новейшие технологии высокопроизводительного секвенирования транскриптома отдельных клеток. *Вавиловский журнал генетики и селекции.* 2019;23(5):508-18. <https://doi.org/10.18699/VJ19.520>
24. Имянитов ЕН. Классификация подтипов рака молочной железы на основе РНК-профилирования и иммуногистохимических методов: клинические и биологические нюансы. *Современная онкология.* 2022;24(3):351-4. <https://doi.org/10.26442/18151434.2022.3.201832>
25. Гмошинский ИВ, Апрытин СА, Шарафетдинов ХХ, Никитюк ДБ, Тутельян ВА. Роль транскриптомики в исследовании патогенетических механизмов алиментарного ожирения в клинике и эксперименте. *Вестник РАМН.* 2018;73(3):172-80. <https://doi.org/10.15690/vramn973>
26. Singh R, Joshi A, Koundal M, Sabharwal A, Verma N, Gahalot D, et al. Proteomic insights into early-stage Alzheimer's disease: Identifying key neuronal proteins impacted by amyloid beta oligomers in an *in vitro* model. *Neuroscience.* 2024;560:254-62. <https://doi.org/10.1016/j.neuroscience.2024.09.050>
27. Tonry C, Finn S, Armstrong J, Pennington SR. Clinical proteomics for prostate cancer: Understanding prostate cancer pathology and protein biomarkers for improved disease management. *Clin Proteomics.* 2020;17(1):41. <https://doi.org/10.1186/s12014-020-09305-7>
28. Elzek MA, Rodland KD. Proteomics of ovarian cancer: Functional insights and clinical applications. *Cancer Metastasis Rev.* 2015;34(1):83-96. <https://doi.org/10.1007/s10555-014-9547-8>
29. Morze J, Wittenbecher C, Schwingshackl L, Danielewicz A, Rynkiewicz A, Hu FB, et al. Metabolomics and type 2 diabetes risk: an updated systematic review and meta-analysis of prospective cohort studies. *Diabetes Care.* 2022;45(4):1013-24. <https://doi.org/10.2337/dc21-1705>
12. Lauwen S, de Jong EK, Lefeber DJ, den Hollander A. Omics biomarkers in ophthalmology. *Invest Ophthalmol Vis Sci.* 2017;58(6):88-98. <https://doi.org/10.1167/iov.17-21809>
13. Pucchio A, Krance SH, Pur DR, Bhatti J, Bassi A, Manichavagan K, et al. Applications of artificial intelligence and bioinformatics methodologies in the analysis of ocular biofluid markers: A scoping review. *Graefes Arch Clin Exp Ophthalmol.* 2024;262(4):1041-91. <https://doi.org/10.1007/s00417-023-06100-6>
14. Valdivia AO, He Y, Ren X, Wen D, Dong L, Nazari H, et al. Probable treatment targets for diabetic retinopathy based on an integrated proteomic and genomic analysis. *Transl Vis Sci Technol.* 2023;12(2):8. <https://doi.org/10.1167/tvst.12.2.8>
15. Baranov VS. Геномика и предиктивная медицина [Genomics and predictive medicine]. *Sibirskiy zhurnal klinicheskoy i eksperimental'noy meditsiny.* 2021;36(4):14-28. <https://doi.org/10.29001/2073-8552-2021-36-4-14-28>
16. Leonova MV. Strategiya i tekhnologii rasprostraneniya i vnedreniya farmakogenomiki v klinicheskuyu praktiku: zarubezhnyy opyt [Strategy and technologies of distribution and implementation of pharmacogenomics in clinical practice: Foreign experience]. *Farmakogenetika i farmakogenomika.* 2024;1:44-52. <https://doi.org/10.37489/2588-0527-2024-1-44-52>
17. Hirota T, Eguchi S, Ieiri I. Impact of genetic polymorphisms in CYP2C9 and CYP2C19 on the pharmacokinetics of clinically used drugs. *Drug Metab Pharmacokinet.* 2013;28(1):28-37. <https://doi.org/10.2133/dmpk.dmpk-12-rv-085>
18. Milosavljevic F, Bukvic N, Pavlovic Z, Miljevic C, Pešić V, Molden E, et al. Association of CYP2C19 and CYP2D6 poor and intermediate metabolizer status with antidepressant and antipsychotic exposure: A systematic review and meta-analysis. *JAMA Psychiatry.* 2021;78(3):270-80. <https://doi.org/10.1001/jamapsychiatry.2020.3643>
19. Barratt D, Somogyi A. Role of pharmacogenetics in personalised imatinib dosing. *Transl Cancer Res.* 2017;6(Suppl 10):1541-57. <https://doi.org/10.21037/tcr.2017.09.08>
20. Wang C, Chen F, Liu Y, Xu Q, Guo L, Zhang X, et al. Genetic association of drug response to erlotinib in chinese advanced non-small cell lung cancer patients. *Front Pharmacol.* 2018;9:360. <https://doi.org/10.3389/fphar.2018.00360>
21. Kieft K, Anantharaman K. Virus genomics: What is being overlooked? *Curr Opin Virol.* 2022;53:101200. <https://doi.org/10.1016/j.coviro.2022.101200>
22. Zhirnov OP. Unikal'nyy genom virusa i alternativnye strategii ego realizatsii [The unique genome of the virus and alternative strategies for its realization]. *Acta Naturae.* 2023;15(2):14-19. <https://doi.org/10.32607/actanaturae.11904>
23. Vodyasova EA, Chelebieva ES, Kuleshova ON. Noveyshie tekhnologii vysokoproduktivnogo sekvenirovaniya transkriptoma otdel'nykh kletok [The new technologies of high-throughput single-cell RNA sequencing]. *Vavilovskiy zhurnal genetiki i selektsii.* 2019;23(5):508-18. <https://doi.org/10.18699/VJ19.520>
24. Imyaninov EN. Klassifikatsiya podtipov raka molochnoy zhelezy na osnove RНК-profilirovaniya i immunogistokhimicheskikh metodov: klinicheskie i biologicheskie nuansy [Classification of breast cancer subtypes based on RNA profiling and immunohistochemical methods: Clinical and biological aspects]. *Sovremennaya onkologiya.* 2022;24(3):351-4. <https://doi.org/10.26442/18151434.2022.3.201832>
25. Gmshinskiy IV, Apryatin SA, Sharafetdinov KhKh, Nikityuk DB, Tutelyan VA. Rol' transkriptomiki v issledovanii patogeneticheskikh mekhanizmov alimentarnogo ozhireniya v klinike i eksperimente [Transcriptomics research in the clinical and experimental investigation of pathogenetic mechanisms of alimentary obesity]. *Vestnik RAMN.* 2018;73(3):172-80. <https://doi.org/10.15690/vramn973>
26. Singh R, Joshi A, Koundal M, Sabharwal A, Verma N, Gahalot D, et al. Proteomic insights into early-stage Alzheimer's disease: Identifying key neuronal proteins impacted by amyloid beta oligomers in an *in vitro* model. *Neuroscience.* 2024;560:254-62. <https://doi.org/10.1016/j.neuroscience.2024.09.050>
27. Tonry C, Finn S, Armstrong J, Pennington SR. Clinical proteomics for prostate cancer: Understanding prostate cancer pathology and protein biomarkers for improved disease management. *Clin Proteomics.* 2020;17(1):41. <https://doi.org/10.1186/s12014-020-09305-7>
28. Elzek MA, Rodland KD. Proteomics of ovarian cancer: Functional insights and clinical applications. *Cancer Metastasis Rev.* 2015;34(1):83-96. <https://doi.org/10.1007/s10555-014-9547-8>
29. Morze J, Wittenbecher C, Schwingshackl L, Danielewicz A, Rynkiewicz A, Hu FB, et al. Metabolomics and type 2 diabetes risk: an updated systematic review and meta-analysis of prospective cohort studies. *Diabetes Care.* 2022;45(4):1013-24. <https://doi.org/10.2337/dc21-1705>

30. Зольникова ОЮ, Решетова МС, Иванова МН, Ивашкин ВТ. Метаболические профили как новое понимание процессов болезни. *Российский журнал гастроэнтерологии, гепатологии, колопроктологии*. 2022;32(1):46-52. <https://doi.org/10.22416/1382-4376-2022-32-1-46-52>
31. Mu C, Zhao Q, Zhao Q, Yang L, Pang X, Liu T, et al. Multi-omics in Crohn's disease: New insights from inside. *Comput Struct Biotechnol J*. 2023;21:3054-72. <https://doi.org/10.1016/j.csbj.2023.05.010>
32. He W, Han X, Ong JS, Wu Y, Hewitt AW, Mackey DA, et al. Genome-wide meta-analysis identifies risk loci and improves disease prediction of age-related macular degeneration. *Ophthalmology*. 2024;131(1):16-29. <https://doi.org/10.1016/j.ophtha.2023.08.023>
33. Han X, Gharahkhani P, Hamel AR, Ong JS, Rentería ME, Mehta P, et al. Large-scale multitrait genome-wide association analyses identify hundreds of glaucoma risk loci. *Nat Genet*. 2023;55(7):1116-25. <https://doi.org/10.1038/s41588-023-01428-5>
34. Diaz-Torres S, He W, Yu R, IGGC International Glaucoma Genetics Consortium, Khawaja AP, Hammond CJ, et al. Genome-wide meta-analysis identifies 22 loci for normal tension glaucoma with significant overlap with high tension glaucoma. *Nat Commun*. 2024;15(1):9959. <https://doi.org/10.1038/s41467-024-54301-2>
35. Huang Y, Plotnikov D, Wang H, Shi D, Li C, Zhang X, et al. GWAS-by-subtraction reveals an IOP-independent component of primary open angle glaucoma. *Nat Commun*. 2024;15(1):8962. <https://doi.org/10.1038/s41467-024-53331-0>
36. Yu X, Rong S. Genome-wide associations and confirmatory meta-analyses in diabetic retinopathy. *Genes (Basel)*. 2023;14(3):653. <https://doi.org/10.3390/genes14030653>
37. Tedja MS, Haarman AEG, Meester-Smoor MA, Kaprio J, Mackey DA, Guggenheim JA, et al. IMI - Myopia Genetics Report. *Invest Ophthalmol Vis Sci*. 2019;60(3):M89-M105. <https://doi.org/10.1167/iovs.18-25965>
38. Chiu W, Lin TY, Chang YC, Isahwan-Ahmad Mulyadi Lai H, Lin SC, Ma C, et al. An update on gene therapy for inherited retinal dystrophy: Experience in Leber Congenital Amaurosis Clinical Trials. *Int J Mol Sci*. 2021;22(9):4534. <https://doi.org/10.3390/ijms22094534>
39. Dor M, Eperon S, Lalive PH, Guex-Crosier Y, Hamedani M, Salvisberg C, et al. Investigation of the global protein content from healthy human tears. *Exp Eye Res*. 2019;179:64-74. <https://doi.org/10.1016/j.exer.2018.10.006>
40. Pieragostino D, Agnifili L, Fasanella V, D'Aguzzo S, Mastropasqua R, Di Ilio C, et al. Shotgun proteomics reveals specific modulated protein patterns in tears of patients with primary open angle glaucoma naïve to therapy. *Mol Biosyst*. 2013;9(6):1108-16. <https://doi.org/10.1039/c3mb25463a>
41. Beutgen VM, Graumann J. Advances in aqueous humor proteomics for biomarker discovery and disease mechanisms exploration: A spotlight on primary open angle glaucoma. *Front Mol Neurosci*. 2024;17:1397461. <https://doi.org/10.3389/fnmol.2024.1397461>
42. Xiang M, Zhang X, Li Q, Wang H, Zhang Z, Han Z, et al. Identification of proteins in the aqueous humor associated with cataract development using iTRAQ methodology. *Mol Med Rep*. 2017;15(5):3111-20. <https://doi.org/10.3892/mmr.2017.6345>
43. Самохина НИ, Кочергин СА, Алексеев ИБ. Диагностическое значение протеомного анализа жидкости передней камеры глаза при катаракте, первичной открытоугольной глаукоме и псевдоэкзофиативном синдроме. *РМЖ. Клиническая офтальмология*. 2017;1:13-7. <https://doi.org/10.21689/2311-7729-2017-1-13-17>
44. García-Quintanilla L, Rodríguez-Martínez L, Bandín-Vilar E, Gil-Martínez M, González-Barcia M, Mondelo-García C, et al. Recent advances in proteomics-based approaches to studying age-related macular degeneration: A systematic review. *Int J Mol Sci*. 2022;23(23):14759. <https://doi.org/10.3390/ijms232314759>
45. Ji YW, Kim HM, Ryu SY, Oh JW, Yeo A, Choi CY, et al. Changes in human tear proteome following topical treatment of dry eye disease: Cyclosporine A versus Diquafosol tetrasodium. *Invest Ophthalmol Vis Sci*. 2019;60(15):5035-44. <https://doi.org/10.1167/iovs.19-27872>
46. She X, Zou C, Zheng Z. Differences in Vitreous Protein Profiles in Patients With Proliferative Diabetic Retinopathy Before and After Ranibizumab Treatment. *Front Med (Lausanne)*. 2022;9:776855. <https://doi.org/10.3389/fmed.2022.776855>
47. Dammeier S, Martus P, Klose F, Seid M, Bosch D, D'Alvise J, et al. Combined Targeted Analysis of Metabolites and Proteins in Tear Fluid With Regard to Clinical Applications. *Transl Vis Sci Technol*. 2018;7(6):22. <https://doi.org/10.1167/tvst.7.6.22>
30. Zolnikova OYu, Reshetova MS, Ivanova MN, Ivashkin VT. Metabolomnye profili kak novoe ponimanie protsessov bolezni [Metabolomic profiles as a new understanding of disease processes]. *Rossiyskiy zhurnal gastroenterologii, gepatologii, koloproktologii*. 2022;32(1):46-52. <https://doi.org/10.22416/1382-4376-2022-32-1-46-52>
31. Mu C, Zhao Q, Zhao Q, Yang L, Pang X, Liu T, et al. Multi-omics in Crohn's disease: New insights from inside. *Comput Struct Biotechnol J*. 2023;21:3054-72. <https://doi.org/10.1016/j.csbj.2023.05.010>
32. He W, Han X, Ong JS, Wu Y, Hewitt AW, Mackey DA, et al. Genome-wide meta-analysis identifies risk loci and improves disease prediction of age-related macular degeneration. *Ophthalmology*. 2024;131(1):16-29. <https://doi.org/10.1016/j.ophtha.2023.08.023>
33. Han X, Gharahkhani P, Hamel AR, Ong JS, Rentería ME, Mehta P, et al. Large-scale multitrait genome-wide association analyses identify hundreds of glaucoma risk loci. *Nat Genet*. 2023;55(7):1116-25. <https://doi.org/10.1038/s41588-023-01428-5>
34. Diaz-Torres S, He W, Yu R, IGGC International Glaucoma Genetics Consortium, Khawaja AP, Hammond CJ, et al. Genome-wide meta-analysis identifies 22 loci for normal tension glaucoma with significant overlap with high tension glaucoma. *Nat Commun*. 2024;15(1):9959. <https://doi.org/10.1038/s41467-024-54301-2>
35. Huang Y, Plotnikov D, Wang H, Shi D, Li C, Zhang X, et al. GWAS-by-subtraction reveals an IOP-independent component of primary open angle glaucoma. *Nat Commun*. 2024;15(1):8962. <https://doi.org/10.1038/s41467-024-53331-0>
36. Yu X, Rong S. Genome-wide associations and confirmatory meta-analyses in diabetic retinopathy. *Genes (Basel)*. 2023;14(3):653. <https://doi.org/10.3390/genes14030653>
37. Tedja MS, Haarman AEG, Meester-Smoor MA, Kaprio J, Mackey DA, Guggenheim JA, et al. IMI - Myopia Genetics Report. *Invest Ophthalmol Vis Sci*. 2019;60(3):M89-M105. <https://doi.org/10.1167/iovs.18-25965>
38. Chiu W, Lin TY, Chang YC, Isahwan-Ahmad Mulyadi Lai H, Lin SC, Ma C, et al. An update on gene therapy for inherited retinal dystrophy: Experience in Leber Congenital Amaurosis Clinical Trials. *Int J Mol Sci*. 2021;22(9):4534. <https://doi.org/10.3390/ijms22094534>
39. Dor M, Eperon S, Lalive PH, Guex-Crosier Y, Hamedani M, Salvisberg C, et al. Investigation of the global protein content from healthy human tears. *Exp Eye Res*. 2019;179:64-74. <https://doi.org/10.1016/j.exer.2018.10.006>
40. Pieragostino D, Agnifili L, Fasanella V, D'Aguzzo S, Mastropasqua R, Di Ilio C, et al. Shotgun proteomics reveals specific modulated protein patterns in tears of patients with primary open angle glaucoma naïve to therapy. *Mol Biosyst*. 2013;9(6):1108-16. <https://doi.org/10.1039/c3mb25463a>
41. Beutgen VM, Graumann J. Advances in aqueous humor proteomics for biomarker discovery and disease mechanisms exploration: A spotlight on primary open angle glaucoma. *Front Mol Neurosci*. 2024;17:1397461. <https://doi.org/10.3389/fnmol.2024.1397461>
42. Xiang M, Zhang X, Li Q, Wang H, Zhang Z, Han Z, et al. Identification of proteins in the aqueous humor associated with cataract development using iTRAQ methodology. *Mol Med Rep*. 2017;15(5):3111-20. <https://doi.org/10.3892/mmr.2017.6345>
43. Samokhina NI, Kochergin SA, Alekseev IB. Diagnosticheskoe znachenie proteomnoy analiza zhidkosti peredney kamery glaza pri katarakte, pervichnoy otkrytoougol'noy glaukome i psevdoksfoliativnom sindrome [Diagnostic value of the anterior chamber's fluid proteomic analysis in patients with cataract, primary open-angle glaucoma and pseudoexfoliation syndrome]. *RMZh. Klinicheskaya oftalmologiya*. 2017;1:13-7. <https://doi.org/10.21689/2311-7729-2017-1-13-17>
44. García-Quintanilla L, Rodríguez-Martínez L, Bandín-Vilar E, Gil-Martínez M, González-Barcia M, Mondelo-García C, et al. Recent advances in proteomics-based approaches to studying age-related macular degeneration: A systematic review. *Int J Mol Sci*. 2022;23(23):14759. <https://doi.org/10.3390/ijms232314759>
45. Ji YW, Kim HM, Ryu SY, Oh JW, Yeo A, Choi CY, et al. Changes in human tear proteome following topical treatment of dry eye disease: Cyclosporine A versus Diquafosol tetrasodium. *Invest Ophthalmol Vis Sci*. 2019;60(15):5035-44. <https://doi.org/10.1167/iovs.19-27872>
46. She X, Zou C, Zheng Z. Differences in Vitreous Protein Profiles in Patients With Proliferative Diabetic Retinopathy Before and After Ranibizumab Treatment. *Front Med (Lausanne)*. 2022;9:776855. <https://doi.org/10.3389/fmed.2022.776855>
47. Dammeier S, Martus P, Klose F, Seid M, Bosch D, D'Alvise J, et al. Combined Targeted Analysis of Metabolites and Proteins in Tear Fluid With Regard to Clinical Applications. *Transl Vis Sci Technol*. 2018;7(6):22. <https://doi.org/10.1167/tvst.7.6.22>

48. Wan X, Zhang Y, Zhang K, Mou Y, Jin X, Huang X. The alterations of ocular surface metabolism and the related immunity inflammation in dry eye. *Adv Ophthalmol Pract Res.* 2024;5(1):1-12. <https://doi.org/10.1016/j.aopr.2024.08.003>
49. Wang Y, Hou XW, Liang G, Pan CW. Metabolomics in Glaucoma: A Systematic Review. *Invest Ophthalmol Vis Sci.* 2021;62(6):9. <https://doi.org/10.1167/iops.62.6.9>
50. Hou XW, Wang Y, Pan CW. Metabolomics in Diabetic Retinopathy: A Systematic Review. *Invest Ophthalmol Vis Sci.* 2021;62(10):4. <https://doi.org/10.1167/iops.62.10.4>
51. Li DQ, Kim S, Li JM, Gao Q, Choi J, Bian F, et al. Single-cell transcriptomics identifies limbal stem cell population and cell types mapping its differentiation trajectory in limbal basal epithelium of human cornea. *Ocul Surf.* 2021;20:20-32. <https://doi.org/10.1016/j.jtos.2020.12.004>
52. Lee SJ, Emery D, Vukmanic E, Wang Y, Lu X, Wang W, et al. Metabolic transcriptomics dictate responses of cone photoreceptors to retinitis pigmentosa. *Cell Rep.* 2023;42(9):113054. <https://doi.org/10.1016/j.celrep.2023.113054>
53. Kim EJ, Grant GR, Bowman AS, Haider N, Gudiseva HV, Chavali VRM. Complete transcriptome profiling of normal and age-related macular degeneration eye tissues reveals dysregulation of anti-sense transcription. *Sci Rep.* 2018;8(1):3040. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-21104-7>
54. Van Hove I, De Groef L, Boeckx B, Modave E, Hu TT, Beets K, et al. Single-cell transcriptome analysis of the Akimba mouse retina reveals cell-type-specific insights into the pathobiology of diabetic retinopathy. *Diabetologia.* 2020;63(10):2235-48. <https://doi.org/10.1007/s00125-020-05218-0>
48. Wan X, Zhang Y, Zhang K, Mou Y, Jin X, Huang X. The alterations of ocular surface metabolism and the related immunity inflammation in dry eye. *Adv Ophthalmol Pract Res.* 2024;5(1):1-12. <https://doi.org/10.1016/j.aopr.2024.08.003>
49. Wang Y, Hou XW, Liang G, Pan CW. Metabolomics in Glaucoma: A Systematic Review. *Invest Ophthalmol Vis Sci.* 2021;62(6):9. <https://doi.org/10.1167/iops.62.6.9>
50. Hou XW, Wang Y, Pan CW. Metabolomics in Diabetic Retinopathy: A Systematic Review. *Invest Ophthalmol Vis Sci.* 2021;62(10):4. <https://doi.org/10.1167/iops.62.10.4>
51. Li DQ, Kim S, Li JM, Gao Q, Choi J, Bian F, et al. Single-cell transcriptomics identifies limbal stem cell population and cell types mapping its differentiation trajectory in limbal basal epithelium of human cornea. *Ocul Surf.* 2021;20:20-32. <https://doi.org/10.1016/j.jtos.2020.12.004>
52. Lee SJ, Emery D, Vukmanic E, Wang Y, Lu X, Wang W, et al. Metabolic transcriptomics dictate responses of cone photoreceptors to retinitis pigmentosa. *Cell Rep.* 2023;42(9):113054. <https://doi.org/10.1016/j.celrep.2023.113054>
53. Kim EJ, Grant GR, Bowman AS, Haider N, Gudiseva HV, Chavali VRM. Complete transcriptome profiling of normal and age-related macular degeneration eye tissues reveals dysregulation of anti-sense transcription. *Sci Rep.* 2018;8(1):3040. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-21104-7>
54. Van Hove I, De Groef L, Boeckx B, Modave E, Hu TT, Beets K, et al. Single-cell transcriptome analysis of the Akimba mouse retina reveals cell-type-specific insights into the pathobiology of diabetic retinopathy. *Diabetologia.* 2020;63(10):2235-48. <https://doi.org/10.1007/s00125-020-05218-0>



СВЕДЕНИЯ ОБ АВТОРАХ

Плотников Денис Юрьевич, кандидат медицинских наук, заведующий лабораторией интегративной эпидемиологии ЦНИЛ, Казанский государственный медицинский университет
 Researcher ID: AAO-3132-2021
 Scopus ID: 57202400688
 ORCID ID: 0000-0002-9950-8992
 Author ID: 1192580
 E-mail: denis.plotnikov@kazangmu.ru

Информация об источнике поддержки в виде грантов, оборудования, лекарственных препаратов

Работа выполнена за счёт гранта Академии наук Республики Татарстан, предоставленного молодым кандидатам наук (постдокторантам) с целью защиты докторской диссертации, выполнения научно-исследовательских работ, а также выполнения трудовых функций в научных и образовательных организациях Республики Татарстан в рамках Государственной программы Республики Татарстан «Научно-технологическое развитие Республики Татарстан». Финансовой поддержки со стороны компаний-производителей лекарственных препаратов и медицинского оборудования автор не получал

Конфликт интересов: отсутствует



АДРЕС ДЛЯ КОРРЕСПОНДЕНЦИИ:

Плотников Денис Юрьевич

кандидат медицинских наук, заведующий лабораторией интегративной эпидемиологии ЦНИЛ, Казанский государственный медицинский университет

420012, Российская Федерация, г. Казань, ул. Бутлерова, 49
 Тел.: + 7 (843) 2388371
 E-mail: denis.plotnikov@kazangmu.ru



AUTHOR'S INFORMATION

Plotnikov Denis Yurievich, Candidate of Medical Sciences, Head of the Integrative Epidemiology Laboratory, Central Research Laboratory, Kazan State Medical University
 Researcher ID: AAO-3132-2021
 Scopus ID: 57202400688
 ORCID ID: 0000-0002-9950-8992
 Author ID: 1192580
 E-mail: denis.plotnikov@kazangmu.ru

Information about support in the form of grants, equipment, medications

This work was supported by a grant from the Academy of Sciences of the Republic of Tatarstan awarded to young Candidates of Sciences (postdoctoral researchers) for the completion of doctoral dissertations, implementation of research projects, and performance of professional duties in scientific and educational organizations of the Republic of Tatarstan within the framework of the State Program of the Republic of Tatarstan "Scientific and Technological Development of the Republic of Tatarstan". The author did not receive financial support from manufacturers of medicines and medical equipment

Conflicts of interest: The author has no conflicts of interest



ADDRESS FOR CORRESPONDENCE:

Plotnikov Denis Yurievich

Candidate of Medical Sciences, Head of the Integrative Epidemiology Laboratory, Central Research Laboratory, Kazan State Medical University

420012, Russian Federation, Kazan, Butlerov str., 49
 Tel.: +7 (843) 2388371
 E-mail: denis.plotnikov@kazangmu.ru

ВКЛАД АВТОРОВ

Разработка концепции и дизайна исследования: ПДЮ
Сбор материала: ПДЮ
Анализ полученных данных: ПДЮ
Подготовка текста: ПДЮ
Редактирование: ПДЮ
Общая ответственность: ПДЮ

AUTHOR CONTRIBUTIONS

Conception and design: PDYu
Data collection: PDYu
Analysis and interpretation: PDYu
Writing the article: PDYu
Critical revision of the article: PDYu
Overall responsibility: PDYu

Поступила 06.02.25
Принята в печать 27.08.26

Submitted 06.02.25
Accepted 27.08.26