

Tętniak wewnątrzczaszkowy jest schorzeniem występującym u około 3% populacji. Jego pęknięcie wiąże się z wystąpieniem krwotoku podpajęczynówkowego, który obarczony jest dużą śmiertelnością. Mimo intensywnych badań, czynniki predysponujące do pęknięcia tętniaka pozostają niejednoznaczne. Jednym z aspektów mogących przyczynić się do lepszego określenia ryzyka pęknięcia tętniaka jest analiza jego hemodynamiki. Obecna metodologia modelowania komputerowego pozwala na analizę przepływu krwi przez kopułę tętniaka i obliczenie parametrów hemodynamicznych definiujących możliwe wzorce zaburzeń przepływu. Niestety, nadal nie zostały wykazane jednoznaczne korelacje pomiędzy poszczególnymi parametrami hemodynamicznymi a ryzykiem pęknięcia tętniaka. W poprzednich badaniach wykazano, że komórki śródbłonna mogą reagować na zmiany w przepływie poprzez regulację ekspresji genów, a w efekcie białek. Dlatego też, analiza ekspresji białek w kopule tętniaka może przyczynić się do lepszego poznania biologicznych efektów zachodzących w jego ścianie pod wpływem konkretnych wzorców przepływu krwi. Celem niniejszego projektu jest szczegółowa analiza profilu hemodynamicznego tętniaka i określenie jego wpływu na ekspresję białek w ścianie tętniaka. Planowane jest włączenie do projektu 81 pacjentów z niepękniętym tętniakiem wewnątrzczaszkowym, zakwalifikowanych do jego operacyjnego zaklipsowania. W trakcie zabiegu pobrana zostanie próbka tkanki z kopuły tętniaka oraz dwie kontrolne próbki z innych naczyń tętnicznych. Na podstawie badań obrazowych pacjentów zostanie także przeprowadzona komputerowa analiza dynamiki płynów, co pozwoli zdefiniować profil przepływu krwi przez kopułę tętniaka. Dodatkowo, w pobranych próbkach zostanie przeprowadzona analiza ekspresji białek. Różnice w ekspresji białek zostaną następnie określone dla poszczególnych profili hemodynamicznych tętniaków. Dla białek wykazujących zróżnicowaną ekspresję pomiędzy poszczególnymi profilami zostaną także zdefiniowane biologiczne procesy, w których biorą one udział. Wykonana analiza pozwoli na lepsze zrozumienie skutków biologicznych powodowanych przez zmiany przepływu krwi w kopule tętniaka i może się przyczynić do dokładniejszego określenia roli profilu hemodynamicznego w ryzyku pęknięcia tętniaka.