

эпигеобионтов ходячих до 68,4%, за счет эвритопных видов рода *Carabus* (*C. nemoralis*, *C. cancellatus*) и группы геобионтов гарполоидных, виды которых предпочитают открытые местообитания (рисунок 2).

При анализе биотопической приуроченности наблюдается падение численности лесолуговых видов (54,3-27,3%) к посадкам тополя на фоне возрастания доли участия эвритопных видов, что связано с высокой посещаемостью этого места. Доля лесных видов незначительно снижается также к посадкам тополя. И только в биоценозах № 1 и № 2 отмечено наличие лесоболотно-низинных видов (14,0-17,1%) (рисунок 3).

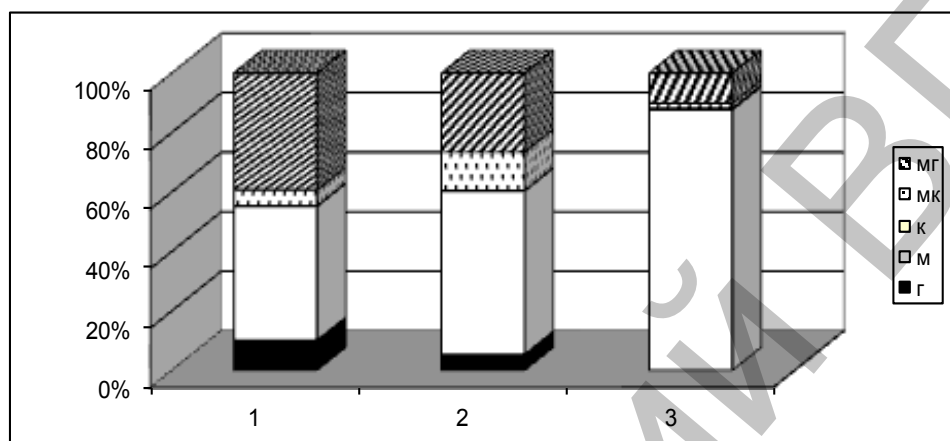


Рисунок 4 – Спектр гигропрефередумов карабидокомплексов парковых экосистем в г. Витебске

При анализе спектров гигропрефередумов карабидокомплексов мы видим падение доли участия гигрофильных видов (10,2–0%) и мезогигрофильных (39,4–10,2%) на фоне резкого возрастания мезофильных видов (45,1–87,4%) в линиях от кленника ясенелистного до посадок тополя (рисунок 4).

Заключение. В результате проведенного исследования 42 вида жуужелиц в парковых экосистемах были распределены по 8 типам ареалов и жизненных форм, 10 типам биопрефередумов.

1. Городков, К.Б. Типы ареалов насекомых тундры и лесных зон Европейской части СССР / К.Б. Городков // Ареалы насекомых европейской части СССР, карты 179–221. – Ленинград, 1984. – С. 3–20.
2. Солодовников, И.А. Жужелицы (Coleoptera, Carabidae) Белорусского Поозерья. С каталогом видов жужелиц Беларуси и сопредельных государств / И.А. Солодовников. – Витебск: УО «ВГУ им. П.М. Машерова», 2008. – 325 с.
3. Шарова, И.Х. Жизненные формы жужелиц (Coleoptera, Carabidae) / И.Х. Шарова – М., 1981. – 360 с.

БИОИНФОРМАТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ФЕРМЕНТОВ ОГРАНИЧЕННОГО ПРОТЕОЛИЗА ЧЕЛОВЕКА И ЛЕГОЧНЫХ ПРЕСНОВОДНЫХ МОЛЛЮСКОВ

*И.О. Семёнов, А.А. Чиркин
Витебск, ВГУ имени П.М. Машерова*

Ограниченный протеолиз является одним из вариантов посттрансляционной модификации белка, обеспечивая его функциональную активность. Хотя известно, что протеолитические ферменты консервативны по структуре, представляет существенный научно-практический интерес поиск наиболее близких к человеку протеаз у разных и доступных видов животных. В настоящее время основным источником протеолитических ферментов для биофармации и пищевой промышленности являются дорогие и труднодоступные морские гидробионты.

Целью работы явилось выявление гомологии ферментов ограниченного протеолиза у человека и легочного пресноводного моллюска.

Материал и методы. В качестве материала для выявления гомологии были использованы нуклеотидные последовательности следующих протеолитических ферментов Calpain 1 (КФ 3.4.22.52), Calpain 2 (КФ 3.4.22.53), Proteasome subunit beta type-6 (КФ 3.4.25.1), Neprilysin 2

(КФ 3.4.24.11), Hepsin (КФ 3.4.21.106), Caspase 1 (КФ 3.4.22.36) человека (*Homo sapien*) и моллюска *Biomphalaria glabrata*.

Поиск протеаз проводили на сервере <https://www.ebi.ac.uk/merops>. Отбор нуклеотидных последовательностей белков человека осуществляли в базе данных <https://www.ensembl.org/index.html>. Поиск гомологичных последовательностей для моллюсков реализовывали на сервере <https://www.ncbi.nlm.nih.gov> при помощи ресурса BLAST. С помощью ресурса <https://www.uniprot.org> были уточнены рамки считывания при оценке аминокислотной последовательности в процессе выравнивания. Парное выравнивание и сравнение последовательностей протеолитических ферментов человека и моллюсков выполнено в программе MEGA5.2. Поиск 3D структур ферментов осуществляли в базе данных <http://www.rcsb.org>. Для построения 3D моделей ферментов использовали ресурс <https://swissmodel.expasy.org>.

В основу работы положен следующий алгоритм: поиск подходящего фермента человека в базе данных MEROPS → переход в базу данных ENSEMBLE для отбора нуклеотидной последовательности человека → поиск гомологичной нуклеотидной последовательности у организма *Biomphalaria glabrata* при помощи ресурса BLAST → построение аминокислотной последовательности из нуклеотидных в программе MEGA 5.2 → проверка рамки считывания по аминокислотной последовательности фермента человека, взятой из базы данных UNIPROT → парное выравнивание и оценка степени гомологии первичных структур → поиск 3D структуры протеазы человека в базе данных ProteinDataBank → построение 3D структуры фермента по шаблону человеческого фермента и её анализ при помощи ресурса SWISS-MODEL.

Результаты и их обсуждение. В таблице 1 представлен сравнительный биоинформатический анализ шести протеолитических ферментов человека и моллюска *Biomphalaria glabrata*, являющегося родственным организмом с широко представленным в водоемах Беларуси моллюском катушка роговая (*Planorbarius corneus*). Первые три фермента, представленные в таблице (Calpain1, Calpain2, Caspase1) относятся к семейству цистеиновых протеаз; Neprilysin 2 – представитель металлопротеаз; Hepsin является сериновой протеазой; Proteasome subunit beta type-6 принадлежит семейству треониновых протеаз.

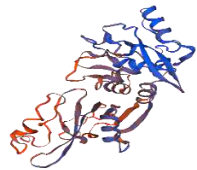
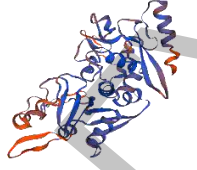

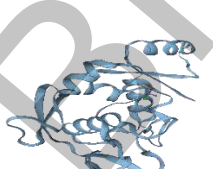
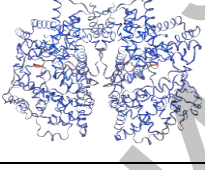
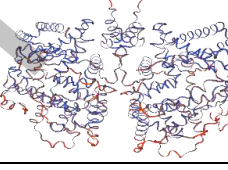
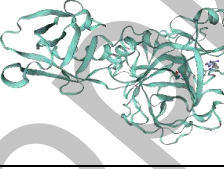
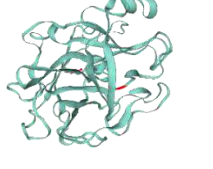
Таблица 1. Оценка гомологии первичных структур молекул протеолитических ферментов человека и моллюска.

Фермент	Type of sequence (тип последовательности)	Expected value (значение случайного выравнивания)	Query coverage (покрытие запроса)	Identities (гомология)
Calpain 1 КФ 3.4.22.52	NS	4e-08	9%	65.29%
	AAS	0.0	94%	45.02%
Calpain 2 КФ 3.4.22.53	NS	7e-18	15%	64.52%
	AAS	0.0	96%	44.99%
Caspase 1 ЕС:3.4.22.36	NS	9.1	4%	70.42%
	AAS	8e-16	45%	28.65%
Neprilysin 2 КФ 3.4.24.11	NS	1e-147	74%	40.41%
	AAS	1e-147	74%	40.41%
Hepsin КФ 3.4.21.106	NS	4.2	3%	73.97%
	AAS	2e-39	57%	37.35%
Proteasome subunit beta type-6 КФ 3.4.25.1	NS	2e-55	51%	62.10%
	AAS	6e-47	51%	54.84%

При парном выравнивании нуклеотидных последовательностей данных ферментов человека и моллюска было обнаружено, что активные сайты (Activesite), сайты связывания (Bindingsite) и связи с металлами (Metalbinding) для 4 ферментов были полностью гомологичны у человека и моллюска (Calpain 1, Caspase 1, Hepsin, Proteasome subunit beta type-6); 2 фермента – гомологичны частично (Calpain 2, Neprilysin 2). Процент гомологии по Caspase 1(70,42%) и Hepsin (73,97%) нельзя считать достоверным из-за низкого покрытия последовательности (Query coverage: 4% и 3%, соответственно) и достаточно высокому значению случайного выравнивания (Expected value: 9,1 и 4,2, соответственно).

В таблице 2 представлен сравнительный биоинформатический анализ пространственных моделей протеолитических ферментов человека и моллюска *Biomphalaria glabrata*.

Таблица 2 – 3D-структуры клеточных протеолитических ферментов человека и моллюска

Фермент	Характеристика		<i>Homo sapiens</i>	<i>Biomphalaria glabrata</i>
Calpain1	GMQE	0,34		
	QMEAN	-2,86		
	Identity	51,91		
Calpain 2 (каталитическая субъединица)	GMQE	0,79		
	QMEAN	-1,76		
	Identity	62,13		
Neprilysin 2	GMQE	0,75		
	QMEAN	-2,44		
	Identity	38,66		
Hepsin (каталитический домен)	GMQE	0,72		
	QMEAN	-1,44		
	Identity	40,63		

Примечание: GMQE – глобальная оценка качества модели; QMEAN – составная оценка, основанная на различных геометрических свойствах, и предоставляет как глобальные так и локальные оценки абсолютного качества на основе одной модели; Identity – гомология, идентичность.

Вследствии отсутствия последовательностей подходящей длины, достоверные пространственные структуры ферментов Caspase1 и Proteasome subunit beta type-6 построить не удалось, QMEAN фактор для данных последовательностей составлял < -5,0. Для решения проблемы необходимо секвенирование ДНК моллюска и включение в построение пространственных структур более сложных аналитических аппаратов.

Заключение. В результате проведенных исследований показано, что ферменты ограниченного протеолиза моллюска имеют высокую степень гомологии с ферментами человека. Это позволяет считать целесообразным дальнейшее рассмотрение данного модельного организма для использования его протеолитических ферментов в пищевой промышленности и биофармацевтике.

КАРАБИДОКОМПЛЕКСЫ (COLEOPTERA, CARBIDAE) ПАРКОВЫХ ЭКОСИСТЕМ В Г. ВИТЕБСКЕ

*И.А. Солодовников, Е.С. Плискевич
Витебск, ВГУ имени П.М. Машерова*

Проблема городской экологии является актуальной в настоящее время, так как город и его жизнедеятельность формируют своеобразный урбоценоз. В последнее время с появлением новых, не существующих в природе экологических ниш, вместе с климатическими особенностями природы приводит к необычным сочетаниям факторов и формированию особой фауны урбоценозов, а также специфичных сообществ животных, связанных новыми взаимоотношениями [1]. Изучение данных закономерностей актуально в наше время. В результате воздейст-