

окислительного стресса обладает спиртовой экстракт (70%) листьев первоцвета весеннего: содержание диеновых конъюгатов в 1,4 и 1,69 раза больше, чем в ЭЛМЛ и ЭЛЛШ соответственно; содержание аскорбиновой кислоты в 3,33 и 7,05 раза больше, чем в ЭЛМЛ и ЭЛЛШ соответственно; содержание фенолов в 1,61 и 2,61 раза больше, чем в ЭЛМЛ и ЭЛЛШ соответственно; содержание хлорофилла больше в 1,33 и 3,21 раза, чем в ЭЛМЛ и ЭЛЛШ соответственно; содержание каротиноидов в 2,92 и 7,45 раза больше, чем в ЭЛМЛ и ЭЛЛШ соответственно.

Таким образом, спиртовые экстракты раннецветущих растений могут использоваться для увеличения стрессоустойчивости биологических объектов к неблагоприятным факторам окружающей среды.

1. Гребинский, С.О. Биохимия растений. / С.О. Гребинский. – Львов: Вища школа, 2005. – 210 с.
2. Чиркин А. А. Современные проблемы биохимии. Методы исследований : учебное пособие / Е. В. Барков [и др.]; под ред. проф. А. А. Чиркина. – Минск : Высш. шк., 2013. – С. 444–465.

## АЛГОРИТМ ПОИСКА САЙТОВ РЕСТРИКЦИИ В НУКЛЕОТИДНОЙ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ДЛЯ РАЗРАБОТКИ ПРОГРАММ, ПРЕДНАЗНАЧЕННЫХ ДЛЯ *IN-SILICO* ПОСТРОЕНИЯ ЭЛЕКТРОФОРЕТИЧЕСКИХ КАРТ

*Мазуркевич О.Ю.*

*студент 4 курса БГУ, г. Минск, Республика Беларусь*

*Научный руководитель – Воронова Н.В., канд. биол. наук, доцент*

Современные программы, которые используются для построения рестрикционных карт, обладают значительным недостатком, они не предоставляют пользователю возможность построения рестрикционных карт по нескольким нуклеотидным последовательностям, одновременно проводя их сравнение. На данный момент анализ нескольких рестрикционных карт может быть произведен только вручную, что значительно усложняет работу исследователя и делает рутинный анализ рестрикционных карт крайне трудоемким. В связи с этим было принято решение разработать программный инструмент, который ускорит и упростит этот процесс, предоставляя возможность автоматического анализа как рестрикции и использования «фильтров», значительно ускоряя работу.

Целью работы являлась разработка алгоритма, который позволяет находить сайты рестрикции и отображать их положение на том количестве нуклеотидных последовательностей, которые задаст пользователь.

**Материал и методы.** Для данного модуля программы была использована база данных рестриктаз NCBI, включающая в себя информацию о всех известных ферментах рестрикции, их изошизомерах и сайтах рестрикции. В рамках работы модуля эта база данных используется для поиска сайтов рестрикции в анализируемых нуклеотидных последовательностях.

При создании данного блока программы была использована библиотека JDK – комплект разработчика приложений на языке Java, который включает в себя компилятор Java (javac), стандартные библиотеки классов Java и исполнительную систему Java (JRE) [1]. В качестве платформы для написания программы была выбрана IntelliJ Idea – интегрированная среда разработки программного обеспечения.

**Результаты и их обсуждение.** При написании данного блока программы мы разработали и использовали несколько алгоритмов.

Алгоритм для загрузки базы данных рестриктаз и ее сохранения в формате «json» включает следующие этапы:

А) по заданной ссылке на базу данных происходит загрузка файла в формате «txt»;

В) осуществляется конвертация скаченного файла в формат файла «json» с присвоением необходимых идентификаторов.

В новом формате каждый фермент рестрикции получал идентификационный код, которому соответствовала информация о существующих изошизомерах и сайтах рестрикции.

Алгоритм для поиска сайтов рестрикции в нуклеотидной последовательности состоял из следующих этапов:

А) обращение к базе данных ферментов рестрикции;

Б) обращение к буферу, содержащему данные файла формата «fasta», представляющими собой буквенную запись нуклеотидной последовательности;

В) осуществление посимвольного поиска и последовательный перебор заданных сайтов

рестрикции в буквенной последовательности.

Как результат работы данного блока программы выходные данные представляют собой информационный массив в виде перечня названий ферментов рестрикции и данных о положении сайтов рестрикции в нуклеотидной последовательности.

**Заключение.** Нами создан модуль программы, который осуществляет поиск сайтов рестрикции в нуклеотидных последовательностях в одном рабочем окне и позволяет построить на основе полученных данных графически отображаемые рестрикционные карты.

1. Шилдт, Java 8. Полное руководство / Герберт Шилдт. – 9-е издание. – М.: «Вильямс», 2015. – 1376 с.

## РАЗРАБОТКА КОМПЬЮТЕРНОГО МОДУЛЯ ДЛЯ ВИЗУАЛИЗАЦИИ РЕЗУЛЬТАТОВ ПОСТРОЕНИЯ РЕСТРИКЦИОННЫХ КАРТ

*Масловская А.В.*

*студентка 4 курса БГУ, г. Минск, Республика Беларусь*

*Научный руководитель – Воронова Н.В., канд. биол. наук, доцент*

Эффективным методом изучения генетического полиморфизма у животных является ПДРФ анализ. Важнейшим этапом данного метода является сравнительный анализ рестрикционных карт. Несмотря на большое количество существующих программ было обнаружено, что большинство исключает возможность полного редактирования предоставляемых результатов, а также ни одна широко используемая программа не позволяет отображать результаты сравнения рестрикционных карт.

Цель – разработка программного модуля визуализации результата построения рестрикционных карт с возможностью дальнейшего сравнения, редактирования и сохранения в одном программном окне.

**Материал и методы.** Для разработки программного модуля был использован язык программирования Java [1], так как он отличается быстротой, высоким уровнем защиты и надежностью. Java приложения обычно транслируются в специальный байт-код, поэтому они могут работать на любой компьютерной архитектуре. Для разработки графического интерфейса была выбрана библиотека JavaFX [2], так как данная библиотека является одной из самых популярных и современных библиотек, используемых для написания графического интерфейса на языке Java. Для удобства разработки графического интерфейса был использован инструмент JavaFX Scene Builder, которая генерирует FXML на основе построенного макета. Для коммуникации с модулем построения рестрикционных карт был использован текстовый формат обмена данными JSON. В качестве интегрированной среды разработки выбрана IntelliJIDEA.

**Результаты и их обсуждение.** Разработан программный комплекс, с помощью которого можно проводить сравнение нескольких рестрикционных карт в одном программном окне. Данный программный модуль позволяет редактировать полученные изображения рестрикционных карт. Предусмотрена возможность создания надписей различного размера, изменение их шрифта, цвета, начертания и ориентации. Данный комплекс делает возможным изменение цветовой гаммы изображений исходного фрагмента ДНК и фрагментов, образующихся в результате рестрикции, а также фона изображения. Имеется возможность отобразить расстояние между сайтами рестрикций.

Функционал данного программного комплекса предоставляет пользователям возможность отдалять и приближать изображения, что помогает производить сравнение рестрикционных карт, а также упрощает процесс редактирования отдельной карты. Также предусмотрена возможность скрывать выбранные сайты рестрикций.

Для более удобного редактирования рестрикционных карт реализован функционал, позволяющий одновременно редактировать несколько сайтов рестрикции. Одной из функций разработанного программного инструмента является сохранение изображения в формате PNG, что является частым требованием при подготовке иллюстраций к научным статьям. Для взаимодействия данного комплекса с модулем построения рестрикционных карт предусмотрена возможность загрузки последовательности в формате FAST.

**Заключение.** Описанный программный комплекс позволяет значительно упростить сравнительный анализ рестрикционных карт и имеет ряд возможностей, позволяющих редактировать их отображение.

1. Java SE – Documentation [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.oracle.com/technetwork/java/javase/documentation/index.html>