

Как следует из таблицы 2, хроническая алкогольная интоксикация не вызывает изменений в содержании витамина А в печени крыс. Одновременное введение льняного масла в течение 7 и 14 дней моделирования хронической алкогольной интоксикации не изменило содержание витамина А в печени животных. Тем не менее, через 21 день хронической алкогольной интоксикации содержание витамина А в печени крыс снизилось на 22,3% по сравнению с соответствующим контролем.

**Заключение.** Таким образом, хроническая алкогольная интоксикация активирует процессы ПОЛ в печени, что согласуется с данными других исследователей. Применение льняного масла не оказало выраженного влияния на содержание жирорастворимых витаминов в печени, а, напротив, уменьшило уровень витамина А и Е через 21 день ХАИ.

1. Oxidative stress and alcoholic liver disease / Fernandez–Checa C. [et al.] // *Alcohol Health & Research World. Acta.* – 1997. – Vol. 368. – P. 321–324.
2. Ethanol toxicity and oxidative stress/ Bondy C.[et al.] // *Toxicology Letter. Acta.* – 1992. – Vol. 301.– P. 231–242.
3. Implication of free radical mechanisms in ethanol–induced cellular injury / Nordmann R. [et al.] // *Free Radic. Biol. Med. Acta.* – 1992. – Vol. 415. – P. 219–240.
4. Role of mitochondria in alcoholic liver injury / Adachi M. [et al.] // *Free Radic. Biol. Med. Acta.* – 2002. – Vol. 506. – P. 487–491.
5. Superoxide anion radical, superoxide dismutases, and related matters / Fridovich I. [et al.] // *Journal of Biological Chemistry. Acta.* – 1997. – Vol.272. – P. 15–17.
6. Alcohol-induced free radicals in mice: direct toxicants or signaling molecules? / Yin M. [et al.] // *Hepatology. Acta.* – 2001. – Vol. 1134. – P. 935–942.
7. Diphenyl ieneiodonium sulfate, an NADPH oxidase inhibitor, prevents early alcohol-induced liver injury in the rat / Kono H. [et al.] // *J. Physiol. Gastrointest. Liver Physiol. Acta.* – 2001. – Vol. 317. – P. 280/
8. Данченко, Е. О. Методы биохимических исследований, основанные на применении специализированного оборудования: метод. Рекомендации для выполнения лабораторных работ / Е. О. Данченко [и др.]; Мин-во образ. Респ. Беларусь, учрежд. Образ. «ВГУ имени П.М. Машерова». – Витебск, 2018. – 30 – 42 с.

## БИОИНФОРМАТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ПРОТЕОЛИТИЧЕСКИХ ФЕРМЕНТОВ АПОПТОЗА ЧЕЛОВЕКА И ПРЭСНОВОДНОГО ЛЕГОЧНОГО МОЛЛЮСКА

*Семёнов И.О.,*

*студент 4 курса ВГУ имени П.М. Машерова, г. Витебск, Республика Беларусь*

*Научный руководитель – Чиркин А.А., доктор биол. наук, профессор*

Запрограммированная гибель клеток по механизмам апоптоза является необходимым компонентом жизнедеятельности живых организмов. Хотя существуют некоторые различия в механизмах апоптоза у низших животных и позвоночных животных, важнейшие биохимические компоненты запрограммированных путей гибели клеток остаются консервативными на протяжении эволюции. В развитии апоптоза у большинства эукариот можно выделить три стадии: индукционную или сигнальную, эффекторную и деградиационную [1]. На каждой из стадий, протеолитические ферменты вовлечены в ряд каскадных процессов от активации проферментов до протеолитического распада белков.

Целью работы явилось выявление гомологии протеолитических ферментов, вовлечённых в процессы апоптоза в клетках человека и клетках пресноводного легочного моллюска.

**Материал и методы.** В качестве материала исследования были использованы аминокислотные последовательности следующих протеолитических ферментов: Caspase-1 (EC:3.4.22.36), Caspase-3 (EC:3.4.22.56), Caspase-7 (EC:3.4.22.60), Caspase-8 (EC:3.4.22.61), Cathepsin-B (EC:3.4.22.1), Calpain-1 (EC:3.4.22.52), Granzyme-B (EC:3.4.21.79) у организмов *Homo sapiens*, *Biomphalaria glabrata*.

В ходе работы поиск протеаз осуществляли на сервере <https://www.ebi.ac.uk/merops>. Отбор аминокислотных последовательностей белков человека находили в базе данных: <https://www.uniprot.org>. Поиск гомологичных последовательностей для моллюсков производили на сервере <https://www.ncbi.nlm.nih.gov> при помощи ресурса BLAST. Поиск 3D структур ферментов проводили в базе данных: <http://www.rcsb.org>. Для построения 3D моделей ферментов использовали ресурс: <https://swissmodel.expasy.org>.

**Результаты и их обсуждение.** В таблице 1 представлены результаты сравнительного биоинформатического анализа семи протеолитических ферментов человека и моллюска *Biomphalaria glabrata*. Первые шесть ферментов представленные в таблице (Caspase-1, Caspase-3, Caspase-7, Caspase-8, Cathepsin-B, Calpain-1) относятся к семейству цистеиновых протеиназ, а Granzym-B является представителем сериновых протеиназ.

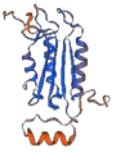
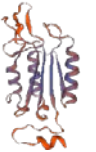

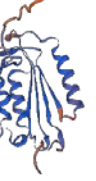



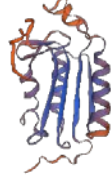
Таблица 1. Оценка гомологии первичных структур молекул протеолитических ферментов человека и моллюска.


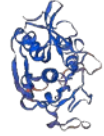
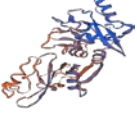
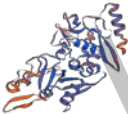
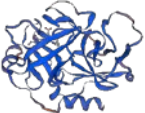
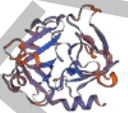
Enzyme	Type of sequence	Expected value	Query coverage	Identities
<b>Caspase-1</b> EC:3.4.22.36	AAS	8e-16	45%	<b>28.65%</b>
<b>Caspase-3</b> EC:3.4.22.56	AAS	1e-90	87%	<b>50.41%</b>
<b>Caspase-7</b> EC:3.4.22.60	AAS	2e-36	85%	<b>30.12%</b>
<b>Caspase-8</b> EC:3.4.22.61	AAS	1e-58	92%	<b>40.00%</b>
<b>Cathepsin-B</b> EC:3.4.22.1	AAS	6e-132	97%	<b>55.36%</b>
<b>Calpain-1</b> EC:3.4.22.52	AAS	0.0	94%	<b>45.02%</b>
<b>Granzyme-B</b> EC:3.4.21.79	AAS	2e-16	91%	<b>27.27%</b>

Процент гомологии первичных структур варьирует от 27% до 55%. В результате выравнивания установлено, что наибольший процент гомологии найден у фермента Caspase 3 (50,41%), который принимает участие в эффекторной стадии апоптоза, расщепляя белки и приводя к появлению биохимических и морфологических признаков апоптоза [2], а также у фермента Cathepsin-B (55,36%), который принимает участие в сигнальной стадии апоптоза, стимулируя выход цитохрома С и частично расщепляя цитозольный белок Bid [2].

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

Enzyme	Characteristic		Homo sapiens	Biomphalaria glabrata
<b>Caspase-1</b>	GMQE QMEAN Identity	0.22 -1.68 <b>28.29%</b>		
<b>Caspase-3</b>	GMQE QMEAN Identity	0.43 -0.58 <b>52.48%</b>		
<b>Caspase-7</b>	GMQE QMEAN Identity	0.23 -2.47 <b>38.46%</b>		
<b>Caspase-8</b>	GMQE QMEAN Identity	0.16 -0.72 <b>40.27%</b>		

<b>Cathepsin- B</b>	GMQE QMEAN Identity	0.69 -0.59 <b>62.15%</b>		
<b>Calpain-1</b>	GMQE QMEAN Identity	0.34 -2.86 <b>51.91%</b>		
<b>Granzyme- B</b>	GMQE QMEAN Identity	0,66 -3,31 <b>26,79%</b>		

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.

Наибольшая степень гомологии наблюдается у ферментов Caspase-3 (52,48%) и Cathepsin-B (62,15%).

**Заключение.** На основании полученных результатов можно сделать вывод о целесообразности использования данного модельного организма в биофармации для оптимизации доклинических исследований новых биологически активных субстанций для регуляции апоптоза.

1. Кудрявцев, И.В. Современные методы и подходы к изучению апоптоза в экспериментальной биологии / И.В. Кудрявцев [и др.] // Медицинская иммунология – 2012. – № 6. – С. 461–482.
2. Гордеева, А.В. Апоптоз одноклеточных организмов: механизмы и эволюция / А.В. Гордеева [и др.] // Биохимия – 2004. – Том 69. – С. 1301 – 1313.

## ВЕКТОРИЗАЦИЯ И ИДЕНТИФИКАЦИЯ РАСТРОВЫХ ГЕОДАНЫХ ГИС СРЕДСТВАМИ ИСКУССТВЕННЫХ НЕЙРОННЫХ СЕТЕЙ

*Соколовский Е.В.,*

*магистрант 1 курса ВГУ имени П.М. Машиерова, г. Витебск, Республика Беларусь*

*Научный руководитель – Торбенко А.Б., ст. преп.*

На современном этапе развития геоинформационных технологий существует острая проблема отсутствия инструментов множественного параллельного преобразования растровых данных в набор векторных слоёв.

Целью работы является создание инструмента, позволяющего анализировать растры с высокой степенью «захламенности» условными обозначениями, а также перекрытиями объектов. При этом важным параметром данного инструмента является возможность обработки нескольких растров из разных источников, а также генерация единого набора векторных слоёв.

**Материал и методы.** Источниками картографической информации послужили растровые карты сервисов Google, Yandex, Stamen, MapSurfer, Landsat. Основой для данного инструмента послужила искусственная нейронная сеть Gargia, аппаратная часть которой представлена кластерной сборкой 32 мини-ПК с возможностью подключения VOT-Net. Программная часть состоит из 2 модулей: коммуникационный и аналитический. Коммуникационный модуль выполняет функции авторизации участников VOT-Net, распределения заданий и фрагментов алгоритмов между узлами сети, а также хранения информации о масс-коэффициентах связей между узлами. Кроме того, коммуникационный модуль определяет исходный и выходные наборы данных, осуществляет агрегацию информации от узлов нейросети в единый набор векторных данных.

Роли источников картографической информации были определены следующим образом:

1. Landsat – получение данных о сетке дорог и зеленых насаждениях.
2. Stamen – получение первичных данных о расположении зданий, определение зоны рабочего охвата нейросети.
3. Yandex и MapSurfer – вторичное уточнение данных о расположении зданий.
4. Google – определение фокальных точек карты, финальное уточнение положения зданий.

**Результаты и их обсуждение.** В результате предложенного метода нами решался ряд взаимосвязанных проблем обработки растрового картографического изображения: