

Как видно из таблицы, превышена предельно допустимая концентрация содержания железа в почвах городов Миоры и Сенно в прибрежной зоне водоема.

Такое содержание ионов железа в почве обусловлено тем, что промышленные предприятия городов используют водоемы в своих целях, в результате чего происходит сброс загрязняющих веществ в водную среду городов, что обуславливает загрязнение береговой зоны водоемов.

Превышения содержания меди в почвах прибрежной зоны из исследуемых районов не установлено.

Содержание цинка больше предельно-допустимой концентрации в прибрежной зоне водоема в Миорах, Дубровно, Сенно и Витебске в 2,5; 5,8; 1,8 и 2,0 соответственно. В прибрежной зоне водоемов высокая концентрация цинка обусловлена нахождением там металлолома и парковки, машин особенно в летний сезон.

**Заключение.** В результате проделанной работы были исследованы прибрежные зоны водоёмов в 4 районах Витебской области: Миорском, Дубровенском, Сенненском, и Витебском. Исследования содержания подвижных форм металлов в почве ( $\text{Cu}^{2+}$ ,  $\text{Fe}^{3+}$ ,  $\text{Zn}^{2+}$ ) показали, что содержание того или иного иона металла зависит от места сбора почвы и от типа почвы. Исходя из результатов исследований концентрации ионов металлов в сравнении с ПДК их в почве, можно сделать вывод о том, что концентрация ионов железа превышает значения ПДК в г. Миоры и Сенно в прибрежной зоне водоема. Превышение содержания меди в исследуемых районах не установлено. Содержание цинка больше предельно допустимой концентрации в почвах прибрежной зоне водоема во всех исследуемых городах.

1. Воробьева, Л.А. Химический анализ почв / Л.А. Воробьева. – М.: МГУ, 1998. – 273 с.

2 Шорец, М.А. Оценка степени антропогенной нагрузки на почвы г. Витебска по основным диагностическим показателям / М.А. Шорец, Д.А. Орлова, О.М. Балаева-Тихомирова // Весн. Вит. гос. ун-та. – 2017. – № 2(95). – С. 62–69.

## **ВНЕКЛЕТОЧНЫЕ ПРОТЕОЛИТИЧЕСКИЕ ФЕРМЕНТЫ ЧЕЛОВЕКА И МОЛЛЮСКА *BIOMPHALARIA GLABRATA***

*Долматова В.В.<sup>1</sup>, Семенов И.О.<sup>2</sup>,*

*<sup>1</sup>аспирант и <sup>2</sup>магистрант ВГУ имени П.М. Машерова, г. Витебск, Республика Беларусь  
Научный руководитель – Балаева-Тихомирова О.М., канд. биол. наук, доцент*

Внеклеточный протеолиз протекает непосредственно в экстраклеточном пространстве и на внешней поверхности клеточной мембраны и регулирует функционирование многих процессов: образование биологически активных белков, свертывание крови, фибринолиз, ангиогенез, гуморальный иммунитет, адгезию и миграцию клеток, передачу межклеточных сигналов и т.д. Основными внеклеточными протеазами являются протеазы системы свертывания крови, фибринолиза, калликреин-кининовой, ренин-ангиотензиновой систем, протеолитические ферменты комплемента и цинкзависимые протеазы метцинкиновой подгруппы [1].

По данным литературы протеазы возникли на самых ранних стадиях эволюции белка как простые деструктивные ферменты, необходимые для катаболизма белков и образования аминокислот в организмах. Ранее протеазы исследовали в качестве ферментов, связанных с разрушением белка. Протеазы представляют собой ферменты, катализирующие высокоспецифичные реакции протеолитической переработки, производя новые белковые продукты. Данные исследования основаны на установлении фактов, демонстрирующих их значимость в управлении многочисленными биологическими процессами во всех живых организмах [2].

Актуальность исследования степени гомологии протеолитических ферментов у разных видов организмов связана с поиском тканей и клеток, которые могут быть источниками этих ферментов для практических нужд (биофармацевтика, косметика, питание).

Цель работы – оценка степени гомологии внеклеточных протеолитических ферментов человека и моллюсков при помощи биоинформатических методов.

**Материал и методы.** В работе использованы: база данных <https://www.ensembl.org> для поиска и отбора нуклеотидных последовательностей, кодирующих белки человека; база данных <https://www.uniprot.org> для поиска аминокислотных последовательностей белков; сервер <https://www.ncbi.nlm.nih.gov> для поиска гомологичных последовательностей моллюсков с использованием ресурса BLAST; описание белков для человека найдены в базе данных <https://www.uniprot.org>; парное выравнивание и сравнение последовательностей человека и моллюсков выполнено в программе MEGA5.2.

**Результаты и их обсуждение.** При сравнительном анализе внеклеточных протеолитических ферментов человека и моллюсков было использовано 22 фермента, найдено 6 нуклеотидных последовательностей и 15 аминокислотных последовательностей ферментов у моллюска *Biomphalaria glabrata*, относящегося к одному семейству с моллюском *Planorbarius corneus* (*Planorbidae*), который может использоваться в качестве тест-организма.

В таблице приведены данные о проценте идентичности данных ферментов между человеком и моллюском *Biomphalaria glabrata*.

Таблица – Оценка гомологии первичных структур внеклеточных протеолитических ферментов человека и моллюска *Biomphalaria glabrata*

Фермент	Тип последовательности	Величина E-value	Процент идентичности	Процент наложения
<i>Pepsin A-5 (PGA5)</i>	AAS	9e-99	43.27 %	95 %
	NS	—	—	—
<i>Glutamyl aminopeptidase (ENPEP)</i>	AAS	2e-178	40.46 %	70 %
	NS	6e-29	67.01 %	8 %
<i>Methionine aminopeptidase 1 (METAP1)</i>	AAS	0.0	68.59 %	98 %
	NS	8e-124	69.67 %	40 %
<i>Methionine aminopeptidase 1 mitochondrial (METAP1D)</i>	AAS	4e-99	54.44 %	79 %
	NS	7e-24	65.40 %	16 %
<i>Cytosol aminopeptidase (LAP3)</i>	AAS	0.0	54.71 %	94 %
	NS	7e-48	66.42 %	35 %
<i>Aminopeptidase B (RNPEP)</i>	AAS	0.0	50.08 %	89 %
	NS	7e-67	66.43 %	39 %
<i>Carboxypeptidase A1 (CPA1)</i>	AAS	2e-49	40.53 %	60 %
	NS	—	—	—
<i>Gastricsin (Pepsinogen C) (PGC)</i>	AAS	7e-91	40.82 %	98 %
	NS	—	—	—
<i>Chymotrypsin-C (CTRC)</i>	AAS	5e-35	34.62 %	93 %
	NS	—	—	—
<i>Kallikrein-1 (KLK1)</i>	AAS	2e-23	26.41 %	89 %
	NS	—	—	—
<i>Plasma kallikrein (KLKB1)</i>	AAS	7e-30	29.52 %	36 %
	NS	—	—	—
<i>Angiotensin-converting enzyme (ACE)</i>	AAS	0.0	46.27 %	94 %
	NS	4e-51	66.76 %	34 %
<i>Prothrombin (F2)</i>	AAS	3e-29	33.33 %	38 %
	NS	—	—	—
<i>Plasminogen (PLG)</i>	AAS	3e-12	38.38 %	54 %
	NS	—	—	—
<i>Matrix metalloproteinase-9 (MMP9)</i>	AAS	8e-07	28.34 %	33 %
	NS	—	—	—
<i>Disintegrin and metalloproteinase domain-containing protein 17 (ADAM17)</i>	AAS	4e-125	35.33 %	80 %
	NS	0.001	68.36 %	3 %

Анализ данных таблицы показал, что гомология внеклеточных протеолитических ферментов между человеком и моллюском *Biomphalaria glabrata* по аминокислотным последовательностям лежит в пределах 26–71, а по нуклеотидным последовательностям – 65–72%.

Такие ферменты, как: *Leucyl-cystinyl aminopeptidase* (LNPEP), *Enteropeptidase* (TMPRSS15), *Elastin* (ELN), *Fibrinogen* (FGA), *Urokinase-type plasminogen activator* (PLAU), *Matrix metalloproteinase-1* (MMP1) – у моллюска *Biomphalaria glabrata* не обнаружены.

**Заключение.** Подтвержден эволюционный консерватизм протеолитических ферментов, что позволяет использовать легочные пресноводные моллюски для получения ферментов. Таким образом, исследование белков может служить инструментом для понимания как эволюции клеточных протеолитических ферментов, так и эволюции многоклеточных эукариотических организмов.

1. Ежова Г.П. Биоинформационные аспекты протеомики и деградации белка / Г.П. Ежова, А.А. Бабаев, В.В. Новиков. – Нижний Новгород, 2007. – 86 с.

2 López-Otín C, Bond JS. Proteases: multifunctional enzymes in life and disease. J Biol Chem. 2008 Nov 7;283(45):30433-7. doi: 10.1074/jbc.R800035200. Epub 2008 Jul 23. PMID: 18650443; PMCID: PMC2576539.

## ПОДБОР ЭКСТРАГЕНТА ДЛЯ ВЫДЕЛЕНИЯ БИОЛОГИЧЕСКИ АКТИВНЫХ СОЕДИНЕНИЙ ИЗ КОПЕЕЧНИКА ЗАБЫТОГО

*Дышлюк Л.С.<sup>1</sup>, Фотина Н.В.<sup>2</sup>*

<sup>1</sup>доцент, канд. биол. наук и <sup>2</sup>магистрант 1-го курса

КемГУ, г. Кемерово, Российская Федерация

Научный руководитель – *Дышлюк Л.С.*, канд. биол. наук, доцент

В последние десятилетия наблюдается ухудшение состояния экосистем [1]. Связано это в первую очередь с мировым техническим прогрессом [2]. Особо остро проблема затрагивает Кузбасс [2]. Высокая концентрация угледобывающих и углеперерабатывающих, химических, металлургических, энергетических и др. предприятий способствует развитию экологического кризиса региона и снижению здоровья населения [1, 2]. Повышение загрязняющего фактора окружающей среды способствует активизации окислительного стресса в организме человека, который играет ключевую роль в патогенезе ряда хронических заболеваний (онкология, диабет, сердечно-сосудистые заболевания и др.), приводящих к снижению продолжительности жизни и раннему старению организма [3]. Для повышения адаптационных способностей организма человека к неблагоприятным факторам, следует разработать комплекс мер по снабжению организма жизненно необходимыми нутриентами.

Одним из перспективных источников минеральных веществ и биологически активных веществ (БАВ) является растительное сырье [4]. Растения рода *Hedysarum L.* с давних времен используются в народной медицине для лечения различных заболеваний (сердечно-сосудистых, легочных, простудных и др.) [5]. Во флоре Сибирского федерального округа встречается около 23 видов, в том числе копеечник забытый. Копеечник забытый (*Hedysarum neglectum Ledeb.*) является травянистым многолетним растением, произрастающим на каменистых склонах, альпийских лугах, галечниках рек. Химический состав копеечника характеризуется флавоноидами, дубильными веществами, витаминами (в особенности витамином С), пектиновыми веществами и др. [5].

Одним из перспективных способов извлечения БАВ из растительного сырья является экстракция. Важным фактором, влияющим на выход БАВ, является экстрагирующее вещество – этиловый спирт, метиловый спирт, диэтиловый эфир, ацетон и др. [6].

Цель исследования – определение экстрагента для максимального выделения БАВ из культуры копеечника забытого (*Hedysarum neglectum Ledeb.*).

**Материал и методы.** В качестве объекта исследования использовали корневую культуру копеечника забытого, полученную на ранних этапах исследовательской работы. Высушенную корневую культуру измельчали до размера фракции 1 мм. Экстракцию про-