

отчуждения ЧАЭС. Другие варианты питания научного и метеорологического оборудования требуют больше расходов.

В Беларуси почти 50 тысяч квадратных километров территории загрязнены радионуклидами из-за аварии на ЧАЭС. Эти территории не подходят для сельскохозяйственной деятельности, но могут применяться для строительства солнечных электростанций. К тому же, на юге Беларуси на солнечных электростанциях можно получить на 20% энергии больше, чем на севере. Поэтому нет ничего необычного в том, что разместились крупнейшие солнечные электростанции - в Брагинском и Речицком районах разместились на загрязненных территориях [2].

**Заключение.** Годовой приход солнечной радиации на единицу площади в Беларуси сопоставим с таким показателем для Германии, Польши и других стран Европы, где этот вид энергетики развивается быстрыми темпами. Для крупных солнечных электростанций требуются значительные территории, которые удобнее всего размещать на землях, не используемых предприятиями сельского и лесного хозяйства, организациями оздоровительного, природоохранного, рекреационного и историко-культурного назначения, а также на землях, не используемых под застройку. Наиболее целесообразным вариантом для солнечной энергетики в Беларуси является использование плоских модулей, в том числе плоских тепловых коллекторов и плоских фотоэлектрических элементов ввиду небольшого количества солнечных дней в году. В соответствии с Национальной программой развития местных и возобновляемых энергоисточников на 2020-2025 годы предусматривается внедрить 172 гелиоводонагревательные установки.

1. Возобновляемые источники энергии в Беларуси [Электронный ресурс]. – Режим доступа: [https://atom.belta.by/ru/news\\_ru/view/v-belarusi-rastet-ispolzovanie-zelenoj-elektroenergii-10810/](https://atom.belta.by/ru/news_ru/view/v-belarusi-rastet-ispolzovanie-zelenoj-elektroenergii-10810/). – Дата доступа: 09.09.2021

2. Солнечные электростанции в Беларуси [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <https://solartime.by/>. – Дата доступа: 09.09.2021

## **СРАВНИТЕЛЬНАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ЛИЗОСОМАЛЬНЫХ ФЕРМЕНТОВ ВЫСШИХ МЛЕКОПИТАЮЩИХ И МОЛЛЮСКА *BIOMPHALARIA GLABRATA***

**Пинчук П.Ю.,**

*магистрант ВГУ имени П.М. Машерова, г. Витебск, Республика Беларусь  
Научный руководитель – Чиркин А.А., доктор биол. наук, профессор*

Ключевые слова. Лизосомальные ферменты, модельные организмы, биоинформатика.

Keywords. Lysosomal enzymes, model organisms, bioinformatics.

Жизнь и функционирование клеток связаны со многими физиологическими процессами, которые происходят в кратчайшие сроки от миллисекунд до минут. Эти физиологические изменения включают вариации потенциала клеточной мембраны и клеточного ионного состава, изменения конформации белков и другие биохимические и механические процессы. Было разработано множество молекулярных инструментов, которые позволяют точно контролировать физиологические процессы, включая высокоспецифичные фармакологические соединения, химические вещества в клетках, которые могут активироваться импульсами света, а также инструменты, физиологическое воздействие которых достигается за счет применения тепла или радиочастотной энергии. Эти постоянные усилия привели к созданию ряда инструментов физиологического контроля, которые частично или полностью генетически закодированы и поэтому просты в использовании в генетических модельных организмах. Модельные организмы широко используются для исследования данных процессов, а также для изучения болезней человека, когда эксперименты на людях были бы невозможны [1].

Целью данной работы является выявить гомологии лизосомальных ферментов человека, мыши, свиньи и моллюска *Biomphalaria glabrata*.

**Материал и методы.** Методы исследования: биоинформатический, описательно – аналитический, сравнительно – сопоставительный, статистический. Материалом для сравнения лизосомальных ферментов послужили нуклеотидные последовательности следующих ферментов: Heparanase (EC:3.2.1.166),  $\alpha$ -glucosidase (EC:3.2.1.20), Cathepsin Z (EC:3.4.18.1), Cathepsin B (EC:3.4.22.1), Cathepsin D (EC:3.4.23.5), Legumain (EC: 3.4.22.34) человека (*Homo sapiens*), мыши (*Mus musculus*), свиньи (*Sus scrofa domestica*) и моллюска *Biomphalaria glabrata*.

В работе использован следующий алгоритм: поиск нуклеотидной последовательности → построение аминокислотных последовательностей сравниваемых белков → их парное выравнивание и оценка степени гомологии первичных структур. Исследование мотивов и строения активных центров ферментов не входило в задачи данной работы.

**Результаты и их обсуждение.** Полученные материалы позволяют положительно решить вопрос об использовании тканей крысы, свиньи и легочных пресноводных моллюсков для моделирования патологических процессов человека, связанных с нарушениями системы протеолиза. Кроме того, из тканей высших млекопитающих и моллюсков могут быть выделены лизосомальные ферменты, которые затем могут найти применение в фармакодинамических исследованиях регуляторов протеолиза.

Сравнительный биоинформатический анализ шести лизосомальных ферментов человека (*Homo sapiens*) и моллюска *Biomphalaria glabrata* приведён в таблице 1.

Сравнительный анализ лизосомальных ферментов человека (*Homo sapiens*) и мыши (*Mus musculus*) приведён в таблице 2. В таблице 3 приведён сравнительный анализ ферментов человека (*Homo sapiens*) и свиньи (*Sus scrofa domestica*).

Таблица 1 – Оценка гомологии лизосомальных ферментов человека (*Homo sapiens*) и моллюска *Biomphalaria glabrata*

Идентичность по отношению к человеку ( <i>Homo sapiens</i> ), AS (%)			
ферменты	<i>Biomphalaria glabrata</i>		
	Expected value (значение случайного выравнивания)	Query coverage (покрытие запроса)	Identities (гомология)
Гепараназа	8e-76	81%	38,00%
$\alpha$ – глюкозидаза	0,0	92%	44,23%
Катепсин Z	2e-131	84%	67,97%
Катепсин B	6e-132	97%	55,36%
Катепсин D	6e-49	33%	53,62%
Легумаин	6e-122	89%	48,09%

Процент гомологии первичных структур варьирует от 38,00% до 67,97%. В результате выравнивания установлено, что наибольший процент гомологии найден у ферментов Катепсин Z (67,97%), Катепсин B (55,36%), Катепсин D (53,62%). Для ферментов Легумаин,  $\alpha$  – глюкозидаза и Гепараназа значение гомологии равно 48,09%, 44,23% и 38,00% соответственно. Однако для ферментов Гепараназа, Катепсин B, Катепсин D и Легумаин данные нельзя считать достоверными, поскольку значения случайного выравнивания слишком низки.

Таблица 2 – Оценка гомологии лизосомальных ферментов человека (*Homo sapiens*) и мыши (*Mus musculus*)

Идентичность по отношению к человеку ( <i>Homo sapiens</i> ), AS (%)			
ферменты	<i>Mus musculus</i>		
	Expected value (значение случайного выравнивания)	Query coverage (покрытие запроса)	Identities (гомология)
Гепараназа	0,0	95%	77,31%
$\alpha$ – глюкозидаза	0,0	99%	80,36%
Катепсин Z	0,0	91%	85,30%

Катепсин В	0,0	95%	80,00%
Катепсин D	0,0	96%	82,46%
Легумаин	0,0	100%	82,99%

Процент гомологии первичных структур варьирует от 77,31% до 85,30%. В результате выравнивания установлено, что у всех ферментов высокий процент гомологии: Катепсин Z (85,30%), Легумаин (82,99%), Катепсин D (82,46%),  $\alpha$  – глюкозидаза (80,36%), Катепсин В (80,00%) и Гепараназа (77,31%).

Таблица 3 – Оценка гомологии лизосомальных ферментов человека (*Homo sapiens*) и свиньи (*Sus scrofa domestica*)

Идентичность по отношению к человеку ( <i>Homo sapiens</i> ), AS (%)			
ферменты	<i>Sus scrofa domestica</i>		
	Expected value (значение случайного выравнивания)	Query coverage (покрытие запроса)	Identities (гомология)
Гепараназа	0,0	95%	80,42%
$\alpha$ – глюкозидаза	0,0	99%	82,82%
Катепсин Z	0,0	94%	85,66%
Катепсин В	0,0	98%	81,49%
Катепсин D	0,0	100%	86,65%
Легумаин	0,0	100%	84,76%

Процент гомологии первичных структур варьирует от 80,42% до 86,65%. В результате выравнивания установлено, что у всех ферментов высокий процент гомологии: Катепсин D (86,65%), Катепсин Z (85,66%), Легумаин (84,76%),  $\alpha$  – глюкозидаза (82,82%), Катепсин В (81,49%) и Гепараназа (80,42%).

**Заключение.** Полученные данные о гомологии лизосомальных ферментов человека, мыши, свиньи и моллюска свидетельствуют о том, что все организмы имеют некоторую степень родства и генетического сходства из-за общего происхождения.

Из-за высокой степени гомологии лизосомальных ферментов человека, мыши и свиньи появляется возможность изучать биохимические процессы в клетках и тканях легочных пресноводных моллюсков на примере высших млекопитающих.

Таким образом, изучение таксономических родственников человека может предоставить большой объем информации о механизмах и заболеваниях в организме человека, что может быть полезно в медицине, мониторинге среды обитания и биофармации.

1. Methods in Enzymology/ Brian Y. Chow [et al.]. - Massachusetts Institute of Technology: USA, 2011. - 431S.

## АНАЛИЗ ВОЗДЕЙСТВИЯ ПРЕДПРИЯТИЙ ХИМИЧЕСКОГО КОМПЛЕКСА ГОМЕЛЬСКОЙ ОБЛАСТИ НА УРОВЕНЬ ЗАБОЛЕВАЕМОСТИ НАСЕЛЕНИЯ

*Подолинская А.С.,*

*студентка 4-го курса УО «ГГУ имени Франциска Скорины», г. Гомель, Республика Беларусь  
Научный руководитель – Осипенко Г.Л., старший преподаватель*

Ключевые слова. Химическая промышленность, химический комплекс, выбросы, предприятия, атмосфера, заболеваемость.

Keywords. Chemical industry, chemical complex, emissions, enterprises, atmosphere, morbidity.

Основными способами уменьшения отрицательного воздействия предприятий химической промышленности на окружающую среду являются: экономия природных ресурсов при производстве, организация оборотного водоснабжения, бессточных производственных схем, более качественная очистка выбросов и стоков, что является важным