

МОЛЕКУЛЯРНО-СТРУКТУРНАЯ ГОМОЛОГИЯ ПРОТЕОЛИТИЧЕСКИХ ЛИЗОСОМАЛЬНЫХ ФЕРМЕНТОВ У МОДЕЛЬНЫХ ОРГАНИЗМОВ

Пинчук П.Ю.,

магистрант ВГУ имени П.М. Машерова, г. Витебск, Республика Беларусь

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

В настоящее время модельных организмов используют для изучения различных патологий при доклинических испытаниях и в качестве источников биологического материала для заместительной терапии. Целью данного исследования явился сравнительный анализ степени гомологии лизосомальных ферментов у человека, мыши, свиньи и легочных пресноводных моллюсков. В статье представлены данные о молекулярно-структурной гомологии 46 лизосомальных ферментов моллюска *Biomphalaria glabrata*, мыши (*Mus musculus*) и свиньи (*Sus scrofa domestica*) по отношению к человеку (*Homo sapiens*). Результаты работы позволяют рекомендовать изученных животных в качестве модельных организмов для исследования возможности получения препаратов для заместительной терапии и использования данных организмов на доклинических стадиях анализа эффективности субстанций для управления катаболизмом молекул в клетках.

Материал и методы. В качестве возможных источников получения 46 лизосомальных ферментов выбрали мышь (*Mus musculus*), свинью (*Sus scrofa domestica*) и широко распространённого в водоёмах Европы легочного пресноводного моллюска – катушка роговая (*Planorbis corneus*).

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.

Гомология изученных белков по NS- и AAS-последовательностям находилась в пределах 29,82–73,10%, поэтому условно диапазон 20–40% был принят как низкий уровень гомологии, 41–55% – средний уровень гомологии и более 55% – высокий уровень гомологии.

Результаты и их обсуждение. Предварительно была исследована молекулярно-структурная гомология катаболических ферментов человека и свиньи. Ферменты этих млекопитающих хорошо изучены, о чем свидетельствует высокий процент покрытия как по нуклеотидным последовательностям (94–100%), так и по аминокислотным (96–100%). Гомология изученных ферментов по нуклеотидным последовательностям ожидаемо оказалась в пределах 93,3–85,1%, а по аминокислотным последовательностям – в пределах 93,3–87,8%. Полученные данные доказывают, что свинья является наилучшим модельным организмом для человека, однако эти животные дороги по стоимости и условиям содержания.

Поэтому был проведен сравнительный анализ катаболических ферментов человека и общепринятого модельного организма – мыши (*Mus musculus*). При сравнении нуклеотидных и аминокислотных последовательностей исследованных ферментов человека и мыши выявлен высокий процент покрытия – 92–100%. Это характеризует высокую частоту использования мыши в качестве модельного организма. Гомология изученных ферментов по нуклеотидным последовательностям оказалась в пределах 82,7–93,3%, а по аминокислотным последовательностям – в пределах 85,6–94,7%. Полученные ранее данные доказывают, что мышь также является адекватным модельным организмом для человека, однако по этическим соображениям и стоимости широкое использование высших млекопитающих во всем мире постепенно сокращается [1]. Поэтому актуальным остается поиск более простых и доступных организмов, но имеющих достаточно высокую гомоло-

гию ферментов с аналогичными ферментами человека. Кандидатами на такую роль выступают легочные пресноводные моллюски, в частности *Biomphalaria glabrata*, геном которого аннотирован, и который является ближайшим родственным видом, распространённого моллюска в Республике Беларусь *Planorbarius corneus*.

Оценка гомологии первичных структур лизосомальных ферментов, которые относятся к классам Оксидоредуктазы, Трансферазы, Гидролазы и Лиазы приведены в таблице 1.

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

Исследованные белки	Количество	Нуклеотидные последовательности (NS)		Аминокислотные последовательности (AAS)	
		покрытие, %	гомология, %	покрытие, %	гомология, %
Оксидо-редуктазы	2	72 (47-97)	51,17 (36-67) Средний уровень	75,0 (53-97)	51,0 (35-67) Средний уровень
Трансферазы	5	80 (58-98)	54,4 (34-70) Средний уровень	77,8 (58-96)	57,4 (34-73) Средний уровень
Гидролазы	38	88 (51-99)	48,0 (29-68) Средний уровень	83,1 (33-98)	50,1 (30-68) Средний уровень
Лиазы	1	47	35,66 Низкий уровень	53	35,14 Низкий уровень

Примечание. Приведены средние величины, в скобках указан диапазон показателей.

Заключение. Гомология ферментов по нуклеотидным последовательностям у человека и легочных пресноводных моллюсков при анализе лизосомальных ферментов, которые относятся к классу Оксидоредуктазы составляет 36–67%, ферменты класса Трансферазы – 34–70%, класса Гидролазы – 29–68% и фермент класса Лиазы составляет 35,66%. Эволюционный консерватизм лизосомальных ферментов, наличие незамкнутого кровообращения, позволяющего доставлять изучаемые субстанции из гемолимфы непосредственно к клеткам-мишеням, позволяют использовать этих животных в качестве дешёвых и удобных в содержании тест-организмов.

1. Пинчук, П.Ю. Модельные организмы для изучения катаболизма молекул [Электронный ресурс] / П.Ю. Пинчук, А.А. Чиркин // Современные проблемы медицинской биохимии: сб. статей участников Междунар. науч.-практ. конф., посвящ. 85-летию проф. В.К. Кухты, Минск, 25 янв. 2022 г. / под ред. А.Д. Тагановича, Н.Н. Ковганко, В.В. Хрусталева. – Минск, 2022. – С. 213 – 218.

РЕДКИЕ ВИДЫ РАСТЕНИЙ БЕЛАРУСИ И ОЦЕНКА ИХ ПРЕДСТАВЛЕННОСТИ В BOLD

Пошелюк А.Д.,

магистрант ПолесГУ, г. Пинск, Республика Беларусь

Научный руководитель – Воробьева М.М., канд. биол. наук, доцент

Покрытосеменные – совершенная и обширная группа растений, насчитывающая более 250 тыс. видов, распространенных по всему земному шару. Беларусь характеризуется обширным видовым составом покрытосеменных растений, в связи с чем, на территории нашей страны данный таксон можно использовать для изучения видового разнообразия, а также разрабатывать мероприятия, направленные на сохранение видов, находящихся под угрозой исчезновения. На сегодняшний день существует различные способы сохранения видового разнообразия и генофонда растений: природно-заповедные территории, Красные