

измениться, так новая геополитическая ситуация диктует свои условия, и они более благоприятна для восточной части страны.

Среди важнейших факторов, определяющих уровень жизни следует отметить:

- природно-ресурсный потенциал территории;
- масштабы производства;
- численность населения;
- структурные особенности хозяйства;
- динамику и уровень производительности труда;
- условия труда.

В целом, изучение причин и факторов территориальной дифференциации регионов Беларуси по уровню жизни требует отдельного исследования.

Заключение. Уровень жизни – фактор, который определяет качество жизни, он связан с объективными показателями, которые не поддаются личному контролю человека. Но которые могут и должны контролироваться государством через разработку специальных программ социального развития и адресного финансирования. В пределах нашей страны такими регионами, требующие наиболее пристального внимания, являются восточные области.

1. Регионы Республики Беларусь. Статистический сборник. Национальный статистический комитет Республики. Беларусь. – Минск. – 2024. – 588 с. [Электронный ресурс]. Режим доступа: <https://www.belstat.gov.by/upload/iblock/86e/bstkolub61c061y9l5usbwbamd3dmc0o.pdf> (дата обращения: 06.01.2025).

2. Бобрик, М.Ю. Социально-экономическая география зарубежных стран. Модуль 2. Зарубежная Азия. Америка. Африка. Австралия и Океания : методические рекомендации / М.Ю. Бобрик, О.Д. Строчко. – Витебск : ВГУ имени П.М. Машерова, 2018. – 52 с. – URI: <https://rep.vsu.by/handle/123456789/17191>.

ОПТИМИЗАЦИЯ ИЗУЧЕНИЯ ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ В РАМКАХ ДИСЦИПЛИНЫ «БИОХИМИЯ» В СВЯЗИ С ПРИСУЖДЕНИЕМ НОБЕЛЕВСКОЙ ПРЕМИИ 2024 ГОДА ПО ФИЗИОЛОГИИ И МЕДИЦИНЕ

*Т.А. Толкачева, А.А. Чиркин
Витебск, ВГУ имени П.М. Машерова*

Современные представления об экспрессии генов включают этапы транскрипции, процессинга мРНК, созревания некодирующих РНК, экспорта РНК и реализации функций молекул РНК. В современных учебниках представлены также данные о регуляции экспрессии генов с описанием механизмов транскрипционной регуляции, роли энхансеров и эпигенетических механизмов регуляции транскрипции, а также посттранскрипционной регуляции. Особенно важна информация о трех основных нетранслируемых областях в молекулах РНК и роли микроРНК. В 2006 г. американские ученые Эндрью Файер и Крейг Мелло были удостоены Нобелевской премии за работы 1998 года по изучению РНК-интерференции у нематоды *Caenorhabditis elegans* (*C. elegans*), т.е. процессу подавления экспрессии гена на стадии транскрипции, трансляции, деаденилирования или деградации мРНК при помощи малых молекул РНК. РНК-интерференция была известна как посттранскрипционный процесс сайленсинга генов [1, 2].

Материал и методы. В 2024 году Нобелевская премия по физиологии и медицине была присуждена Виктору Амбросу и Гэри Равкану за «открытие микроРНК и её роли в посттранскрипционной регуляции генов». Их новаторское открытие было выполнено также на модельном организме нематоды *C. elegans*, опубликовано в 1993 году и включало совершенно новый принцип регуляции генов. Причем обнаруженный тип регуляции оказался необходимым не только для нематоды, но и для других многоклеточных организмов, включая людей. МикроРНК принципиально важны для развития

и функционирования организмов», – говорится в пресс-релизе Нобелевского комитета. *C. elegans* – свободноживущая почвенная нематода длиной около 1 мм. Взрослая гермафродитная особь состоит из 959 клеток (самец – из 1031 клетки). Судьба каждой клетки модельного организма известна. Исследования этого вида модельных организмов в молекулярной биологии и биологии развития начались в 1974 году работами группы Сиднея Бреннера. Широко используется *C. elegans* в исследованиях по генетике, нейрофизиологии (организм имеет 302 нейрона), биологии развития, вычислительной биологии. *C. elegans* был первым многоклеточным организмом, чей геном был полностью секвенирован (размер около 100 Мб), имеет длину приблизительно 100 миллионов пар оснований и содержит около 20 000 генов. Большинство этих генов кодирует белки, но, вероятно, среди них есть примерно 1000 генов РНК [2]. Отметим, что у человека в геноме также насчитывается около 20 тысяч генов.

Результаты и их обсуждение. В 1970-х годах скрининг мутагенеза у *C. elegans*, проведенный в лаборатории Сидни Бреннера, выявил мутант *lin-4*. Эти мутантные нематоды продемонстрировали поразительный фенотип: многие типы клеток и морфологические структуры полностью отсутствовали, а яйца накапливались из-за сбоя в развитии вульвы, по-видимому, благодаря повторению программ развития для определенных клеточных линий. Виктор Амброс и Гэри Равкан изучали два мутантных штамма нематод, *lin-4* и *lin-14*, которые демонстрировали дефекты во времени активации генетических программ процесса развития. Амброс показал, что ген *lin-4*, по-видимому, является отрицательным регулятором гена *lin-14*. Однако то, как блокируется активность *lin-14*, было неизвестно. Амброс и Равкан обнаружили, что ген *lin-4* кодирует «крошечную» РНК, микроРНК, которая не кодирует белок. Был сделан вывод, что короткая последовательность *lin-4* совпала с комплементарными последовательностями в критическом сегменте мРНК *lin-14*. Амброс и Равкан провели дополнительные эксперименты, показывающие, что микроРНК *lin-4* выключает развитие *lin-14*, связываясь с 3'-UTR мРНК *lin-14*, блокируя производство белка *lin-14*. Напомним, что 3'-UTR- является 3'-нетранслируемой областью (3'-НТО, англ. 3'-untranslated region); у ряда мРНК имеется и 5'-UTR. Таким образом, был открыт новый принцип регуляции генов, опосредованный ранее неизвестным типом РНК, микроРНК! Результаты были опубликованы в 1993 году в двух статьях в журнале *Cell* [3, 4]. В 2000 году исследовательская группа Равкана опубликовала свое открытие другой микроРНК, кодируемой геном *let-7*. В отличие от *lin-4*, ген *let-7* был высококонсервативным и присутствовал во всем животном мире. Статья вызвала большой интерес, и в последующие годы были идентифицированы сотни различных микроРНК. Сегодня известно, что у людей существует более тысячи генов для различных микроРНК, и что регуляция генов микроРНК универсальна среди многоклеточных организмов. Помимо картирования новых микроРНК, эксперименты нескольких исследовательских групп выявили механизмы того, как микроРНК производятся и доставляются к комплементарным целевым последовательностям в регулируемых мРНК. В результате связывания микроРНК приводит к ингибированию синтеза белка или к деградации мРНК. Интересно, что одна микроРНК может регулировать экспрессию многих различных генов, и наоборот, один ген может регулироваться несколькими микроРНК, тем самым координируя и настраивая целые сети генов. Клеточный механизм для производства функциональных микроРНК также используется для производства других малых молекул РНК как у растений, так и у животных, например, как средство защиты растений от вирусных инфекций [5].

В 2001 году микроРНК были признаны широким классом малых РНК у высших эукариот, что положило начало интенсивным исследованиям этой новой регуляторной парадигмы в различных научных дисциплинах. Следующее десятилетие выявило основные каталоги консервативных локусов микроРНК, молекулярных факторов,

центральных для биогенеза и функционирования микроРНК, и их регуляторных механизмов. МикроРНК – это РНК длиной примерно 22 нуклеотида, которые происходят из более длинных первичных транскриптов микроРНК, несущих одну или несколько шпилек. Основная часть шпилек микроРНК происходят из некодирующих транскриптов или интронов, а также нескольких перекрывающихся экзонов генов, кодирующих белки. Большинство консервативных микроРНК (то есть общих для позвоночных) генерируются через канонический путь с участием двух ферментов рибонуклеаз. Вначале, шпильковая основа транскрипта предшественника микроРНК «обрезается» ядерным микропроцессорным комплексом, включающим одну молекулу РНКазы III Drosha, связанную с двумя копиями ее партнера DGCR8, высвобождая шпильку-предшественника микроРНК (pre-miRNA) длиной 55–70 нуклеотидов. Pre-miRNA экспортируется в цитоплазму и расщепляется около терминальной петли РНКазой III Dicer, образуя дуплекс микроРНК, который может взаимодействовать с членом семейства белков Argonaute (Ago), теперь называемый комплексом индуцированного РНК сайленсинга – RISC) для сайленсинга комплементарных РНК-мишеней.

В настоящее время необходимо учитывать роль некодирующих РНК в функционировании живых организмов. Некодирующие РНК (нкРНК) представляют собой гетерогенную группу транскриптов, которые не транслируются в белки. Известно, что большая часть генома человека (76–97%) кодирует нкРНК. В процессе их изучения наметился переход от роли молекул РНК как простых посредников синтеза белка в сторону значения нкРНК как *функциональных молекул для регуляции экспрессии генов и организации генома*.

Функциональная значимость одного класса нкРНК, в частности микроРНК, привлекла большое внимание, поскольку эти молекулы играют важную роль во множестве клеточных процессов, включая развитие сердца и мышц, дифференцировку нервных стволовых клеток и нейрогенез, а также участие нкРНК в патогенезе многих заболеваний. Совсем недавно было продемонстрировано их участие в тяжелом остром респираторном синдроме коронавируса 2 (SARS-CoV-2).

Спектр нкРНК включает длинные некодирующие РНК (lncRNAs), кольцевые РНК (circRNAs), гетерогенные ядерные РНК (hnRNAs), взаимодействующие с PIWI РНК (piRNAs), рибосомальные РНК (rRNAs), малые ядерные РНК (snRNAs), малые ядрышковые РНК (snoRNAs) и транспортные РНК (tRNAs). Возможно, наиболее изученными из них в отношении заболеваний человека являются lncRNAs и circRNAs, которые признаны важными регуляторами в различных биологических процессах. Подобно микроРНК, нарушение регуляции lncRNAs и circRNAs связано с различными заболеваниями человека. Одной из самых больших проблем в этой области является выяснение разнообразных функций и механизмов действия нкРНК, что необходимо для определения их клинической значимости и использования их в качестве биомаркеров или терапевтических мишеней [6].

Заключение. В настоящее время известны более 38 000 микроРНК от 271 видов, включая 2654 человеческих зрелых микроРНК, которые были аннотированы в архиве miRNA miRBase (v22.1). Предполагается, что большая часть человеческого транскриптома находится под регуляцией микроРНК. Сложность такой регуляции демонстрируется тем фактом, что одна микроРНК может быть нацелена на сотни различных мРНК и что несколько микроРНК могут быть нацелены на одну и ту же мРНК. Установлено, что микроРНК участвуют в каждом фундаментальном биологическом процессе, включая пролиферацию клеток, дифференциацию и эмбриональное развитие и выполняют ряд тканеспецифических функций. Наконец, еще одним ключевым потенциальным достижением станет разработка безопасных и эффективных терапевтических средств некодируемых РНК. Одним из многообещающих направлений в этой области является

использование искусственного интеллекта для содействия высокопроизводительной разработке и исследованию малых молекул, которые связываются с кодирующими и некодируемыми РНК. Представленные данные планируется освещать в процессе изучения дисциплины «Биохимия».

1. Чиркин, А.А. Экспрессия генов: от Ф. Крика (1958) до М. Никитина (2023) // Біялогія і хімія. – 2023. – № 2(98). – С. 3–16.
2. Чиркин, А.А. Биологическая химия; учебник / А.А. Чиркин, Е.О. Данченко, В.В. Хрусталеv. – Минск: Высшая школа, 2023. – 478 с.
3. Lee, R.C., Feinbaum R.L., Ambros V. The *C. elegans* heterochronic gene *lin-4* encodes small RNAs with antisense complementarity to *lin-14* // Cell. – 1993. – Vol. 75(5). – P. 843–854.
4. Wightman, B., Ha I., Ruvkun G. Posttranscriptional regulation of the heterochronic gene *lin-14* by *lin-4* mediates temporal pattern formation in *C. elegans* // Cell. – 1993. – Vol. 75(5). – P. 855–862.
5. Pasquinelli, A.E., Reinhart B.J., Slack F. ...Ruvkun G. Conservation of the sequence and temporal expression of *let-7* heterochronic regulatory RNA // Nature. – 2000. – Vol. 408. (6808). – P. 86–89.
6. Nemeth, K., Bayraktar R., Ferracin M. et al. Non-coding RNAs in disease: from mechanisms to therapeutics // Nat. Rev. Genet. – 2024. – Vol. 25. – P. 211–232.

СОЗДАНИЕ ЦИФРОВЫХ ГЕОЛОГИЧЕСКИХ КАРТ ЧЕТВЕРТИЧНЫХ ОТЛОЖЕНИЙ ВИТЕБСКОЙ ОБЛАСТИ НА ОСНОВЕ РАЗНОМАСШТАБНЫХ ГЕОЛОГО-КАРТОГРАФИЧЕСКИХ МАТЕРИАЛОВ

*А.Б. Торбенко, А.Н. Галкин, К.С. Мальков
Витебск, ВГУ имени П.М. Машерова*

Основным источником информации о геологии четвертичных отложений территории Витебской области являются данные геологической съемки 1:200000 1960–70-х годов, их интерпретации и актуализации в виде карт масштаба 1:1000000 конца 1990-х, а также разрозненные материалы инженерно-геологических изысканий и геологоразведки последних десятилетий. К сожалению, практически все эти материалы отсутствуют в цифровом формате либо представлены в виде сканов с отсутствием картографической привязки. Кроме того, в период с 60-х годов прошлого века по настоящее время серьезные изменения претерпели не только представления о геологии четвертичных отложений региона, но также подходы к их отражению и стратиграфии в целом. В результате сложилась ситуация, когда актуальные среднемасштабные геологические карты, отвечающие современным запросам в области компьютерного моделирования, ГИС-анализа и цифровых решений для целей рационального использования недр практически отсутствуют.

Исследование проводилось в рамках выполнения задания НИР «Разработка геолого-информационной модели кайнозойских отложений территории Витебской области как основы рационального и эколого-безопасного недропользования».

В связи с этим целью настоящей работы послужило создание актуализированной цифровой геологической карты четвертичных отложений Витебской области по данным из различных источников.

Основные задачи решаемые в процессе исследования включали в себя:

1. Подбор элементов программно-технического комплекса, используемых при решении задач оцифровки, объединения, редактирования и представления участков полнотна среднемасштабной геологической карты четвертичных отложений региона.
2. Разработка методики создания геологической карты четвертичных отложений региона на основе фрагментарных и разномасштабных материалов, а также приемов автоматизации данного процесса.
3. Построение цифровой векторной среднемасштабной модели геологического строения четвертичной толщи региона на основе процессов генерализации и прогнозирования геолого-картографической информации, а также редактирования результиру-