

По данным сайта Tabletka.by 6 позиций из приведенного перечня производятся в Республике Беларусь, остальные 5 – в Российской Федерации. В отечественных аптеках реализуется эфирное масло лаванды узколистной 7 производителей, из которых 3 предприятия белорусские, остальные 4 – российские. Наиболее распространённым объёмом флакона является 10 мл, такой объём представлен у 8 позиций из 11 имеющихся в наличии. Также представлены 1 позиция во флаконе на 25 мл, 1 позиция во флаконе на 30 мл и 1 позиция во флаконе на 1,5 мл.

Заключение. Эфирное масло лаванды узколистной обладает разнообразными действиями: уравнивающим, антистрессовым; избавляет от нервозности. По этой причине его сложно классифицировать в качестве эфирного масла с единым действием.

В аптеках Республики Беларусь представлено 11 наименований эфирного масла лаванды узколистной 7 производителей. Отметим, что более половины представленных в аптеках наименований – отечественного производства, что свидетельствует о достаточно высоком уровне развития отечественной промышленности.

Возможно расширение ассортимента эфирных масел за счёт создания тематических наборов из нескольких видов масел.

1. Бочкарёв, И.Н Современное состояние таксономии, морфологии и селекции лаванды / И.В. Бочкарёв [и др.] // Масличные культуры. – 2013. – № 2. – С. 163–178.
2. Алимов, Ф.М. Биоморфология, химический состав, технология выращивания и значение лекарственного растения лаванды в медицине / Ф.М. Алимов, М.М. Мамурова, М.Б. Султонова // Экономика и социум. – 2025. – № 3 (130). – С. 403–407.
3. Платонова, Т.В. Перспективные источники эфирных масел для медицины и парфюмерно-косметической промышленности / Т.В. Платонова [и др.] // Бюллетень Государственного Никитского ботанического сада. – 2015. – № 117. – С. 48–52.
4. Essential oils used in aromatherapy: A systemic review / B. Ali [et al.] // Asian Pacific J. Tropical Biomed. – 2015. – Vol. 5, N 8. – P. 589–598.
5. Адаменко, Г.В. Особенности реализации эфирных масел в аптеке / Г.В. Адаменко, Д.А. Тёмкина // Вестник Витебского государственного медицинского университета. – 2021. – Том 20. № 5. – С. 84–95.
6. Эфирное масло лаванды в аптеках Беларуси [Электронный ресурс] / Tabletka.by. – 2025. – Режим доступа: <https://tabletka.by/search?request=масло%20эфирное%20лаванда> – Дата доступа: 01.12.2025.

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ МЕТОДОВ БИОИНФОРМАТИКИ ПРИ ИЗУЧЕНИИ ПРОТЕОЛИЗА У МОЛЛЮСКОВ

А.А. Чиркин, П.Ю. Пинчук
Витебск, ВГУ имени П.М. Машерова

На кафедре химии и естественнонаучного образования ВГУ имени П.М. Машерова на протяжении 10 лет интенсивно изучаются процессы протеолиза, играющие фундаментальную роль в жизнедеятельности живых организмов. Легочные пресноводные моллюски, такие как прудовик обыкновенный (*Lymnaea stagnalis*) и катушка роговая (*Planorbarius corneus*), представляют значительный интерес как потенциальные модельные организмы для таких исследований благодаря своей доступности, простоте содержания и сложной организации физиологических процессов. Для обоснования целесообразности их применения в экспериментальной практике требуется комплексный анализ, объединяющий данные биохимических экспериментов и современные методы биоинформатики.

Цель данной работы заключается в изучении системы протеолиз-антипротеолиз у легочных пресноводных моллюсков под действием этионина и ионизирующего излучения, а также проведении биоинформатического анализа сходства ключевых белков протеолиза и апоптоза у человека и моллюсков для научного обоснования пригодности данной биологической модели. Биоинформатическое исследование будет включать

анализ не только внеклеточных протеаз, таких как трипсин, но и лизосомальных ферментов, поскольку лизосомальный протеолиз представляет собой важнейший внутриклеточный компонент общей системы расщепления белков, нарушения в котором лежат в основе многих патологических процессов.

Материал и методы. Исследование состояло из экспериментальной части и двух взаимосвязанных этапов биоинформатического анализа. Экспериментальная работа по изучению протеолитической и антипротеолитической активности в гемолимфе и гепатопанкреасе моллюсков, а также их реакции на введение этионина (1 мг/мл) и воздействие гамма-излучения, была выполнена ранее. Активность трипсиноподобных протеиназ определяли при различных значениях pH инкубационной среды (3,0-9,0), а уровень ингибиторов протеолиза (α 1-антипротеазного ингибитора и α 2-макроглобулина) регистрировали спектрофотометрически.

Первый этап биоинформатического анализа был направлен на оценку консервативности системы регуляции апоптоза. Магистрантом И.О. Семеновым были отобраны аминокислотные последовательности ключевых белков внешнего (рецепторы CD95, CD120a, лиганд CD95L) и внутреннего (цитохром c, AIFM1, p53, белки семейства Bcl-2) путей апоптоза человека и моллюска *Biomphalaria glabrata* из базы данных NCBI. Для оценки гомологии проводили парное выравнивание последовательностей с помощью ресурса EMBOSS Needle.

Второй этап биоинформатического исследования был выполнен аспирантом П.Ю. Пинчук и включал комплексный анализ лизосомальных ферментов. С использованием баз данных NCBI и UniProt были найдены аминокислотные последовательности 35 лизосомальных ферментов 4 классов (оксидоредуктазы, трансферазы, гидролазы, лиазы) человека и *Biomphalaria glabrata*. Для каждой пары гомологов проводили парное выравнивание и определяли процент идентичности аминокислотных (AAS) и нуклеотидных (NS) последовательностей. Для ферментов, участвующих в протеолизе (капепсины A, B, D, L, Z и др.), а также для ряда других лизосомальных гидролаз были построены трехмерные модели методом гомологичного моделирования на сервере SWISS-MODEL в режиме User Template Mode. В качестве шаблонов использовали кристаллические структуры гомологичных белков человека из базы PDB. Качество моделей оценивали по показателям GMQE (Global Model Quality Estimate) и QMEAN (Qualitative Model Energy Analysis). Для определения консервативных функциональных участков проводили сравнительный анализ пространственной структуры и поиск активных сайтов и сайтов связывания лигандов с использованием данных UniProt и визуализации в молекулярных редакторах [1].

Результаты и их обсуждение. Экспериментальное изучение системы протеолиз-антипротеолиз у легочных пресноводных моллюсков показало четкую зависимость ферментативной активности от pH среды и сложную динамику в ответ на стрессовые воздействия. В гемолимфе и гепатопанкреасе *Lymnaea stagnalis* и *Planorbarius corneus* была обнаружена протеолитическая активность в широком диапазоне pH 3,0-9,0. Наиболее высокие значения трипсиноподобной активности регистрировались при pH 3,6-9,0. При этом максимум концентрации α 1-антипротеазного ингибитора отмечался в более узкой зоне pH 3,6-3,8, а α 2-макроглобулина – при pH 3,0. В гепатопанкреасе обнаружена мощная антипротеазная активность, направленная преимущественно против кислых и слабокислых протеаз, что свидетельствует о наличии специализированных лизосомальных механизмов регуляции протеолиза.

Введение этионина в дозе 1 мг/мл вызывало выраженные временные изменения в системе протеолиза. В гепатопанкреасе прудовиков активность трипсиноподобных протеиназ изменялась волнообразно с двумя статистически значимыми пиками: первый

через 3 часа после введения (повышение на 45-50 % относительно контроля), второй – через 24 часа (повышение на 60-65 %). У катушек этионин вызывал более плавное, но устойчивое повышение активности в интервале 3-24 часа (на 25-40 % относительно исходного уровня), при этом абсолютные значения активности через 3 и 24 часа были достоверно ниже, чем у прудовиков ($p < 0,05$). Кроме того, наблюдалось резкое увеличение содержания антипротеолитических ингибиторов. Уровень $\alpha 1$ -антипротеазного ингибитора возрастал уже через 3 часа в 3-5 раз, достигая максимума через 12 часов (7-20-кратное превышение контрольных значений). Количество $\alpha 2$ -макроглобулина в гепатопанкреасе катушек изначально в 15 раз превышало таковой у прудовиков. После введения этионина у прудовиков этот показатель повышался до уровня, характерного для катушек, тогда как у катушек оставался стабильным после кратковременного снижения через 3 часа [2].

Воздействие гамма-излучения также вызывало комплексные видоспецифичные изменения. В гемолимфе обоих видов наблюдалось повышению активности трипсино-подобных протеиназ на 30-50 %. Наиболее значимые отличия касались других ферментативных систем. У прудовиков отмечалось снижение активности аланинаминотрансферазы на 35 % и аспартатаминотрансферазы на 28 % на фоне повышения активности амилазы на 42 %, тогда как у катушек наблюдалось повышение активности лактатдегидрогеназы на 55 % при относительной стабильности аминотрансфераз. Эти данные свидетельствуют о различных метаболических механизмах адаптации к радиационному стрессу и подтверждают большую резистентность катушек.

С помощью биоинформатического анализа были обнаружены структурные основы наблюдаемых физиологических реакций. При изучении белков апоптоза установлено, что компоненты внешнего рецепторного пути демонстрируют относительно низкую гомологию: CD95 – 28,95 %, CD120a – 28,45 %, лиганд CD95L – 28,33 %. В отличие от этого, белки внутреннего митохондриального пути характеризуются высокой степенью сохранности: цитохром c – 81,55 %, апоптоз-индуцирующий фактор AIFM1 – 59,55 %, белок p53 – 33,69 %. Белки семейства Bcl-2 показали средний уровень гомологии: индукторы апоптоза BAX – 35,43 %, BAK – 37,93 %; репрессоры Bcl-2 – 37,93 %, Bcl-W – 32,80 %. При этом парное выравнивание установило высокую частоту совпадения сайтов связывания, что указывает на сохранение функциональной архитектуры [3].

Комплексное исследование 35 лизосомальных ферментов показало значительную вариабельность структурного сходства. Гомология аминокислотных последовательностей колебалась от 26,64 % (катепсин D) до 73,10 % (гликогенфосфоорилаза), при этом для гидролаз средняя гомология составила 50,1 %, для трансфераз – 57,4 %, для оксидоредуктаз – 51,0 %. При анализе пространственных структур установили, что гомология третичных структур варьирует от 26,64 % до 73,27 %, с максимальными значениями для гликогенфосфоорилазы (73,27 %), катепсина Z (69,01 %) и N-ацетилгалактозамин-6-сульфатазы (66,94 %). Для 10 ферментов удалось идентифицировать полностью консервативные активные сайты и специфические лиганды. Особое значение имеет обнаружение полного совпадения активных сайтов миелопероксидазы, α -N-ацетилглюкозаминидазы и α -L-идуронидазы у человека, свиньи, мыши и моллюска [4].

Заключение. Совместный анализ экспериментальных и биоинформатических данных позволяет установить прямую связь между молекулярной организацией белковых систем и их функциональными характеристиками. Консервативность активных центров ключевых протеаз, включая лизосомальные катепсины, объясняет качественное сходство изменений протеолитической активности у моллюсков и млекопи-

тающих под действием этионина. Установленная структурная гомология регуляторных белков апоптоза подтверждает общность механизмов, интегрирующих протеолиз с программами клеточной гибели. Совокупность экспериментальных и биоинформатических данных обеспечивает многоуровневое обоснование адекватности легочных пресноводных моллюсков в качестве модели для изучения нарушений системы протеолиз-антипротеолиз.

1. Отбор модельных организмов для биомедицинских исследований посредством изучения молекулярно-структурной гомологии протеолитических ферментов / А. А. Чиркин, О. М. Балаева-Тихомирова, И. О. Семенов, П. Ю. Пинчук // Новости медико-биологических наук. – 2022. – Т. 22, № 3. – С. 214–218.

2. Чиркин, А.А. Альтернативный сплайсинг и посттрансляционная модификация белков в увеличении разнообразия белков в клетке: для адаптации и эволюции /А.А. Чиркин, В.В. Долматова // Биохимия и молекулярная биология. Сб. научных статей. Выпуск 1 Посттрансляционная модификация белков. - Минск: «Беларуская навука», 2017. – С. 48-59.

3. Чиркин А.А. Молекулярно-структурная гомология протеолитических ферментов в изучении механизма протеолиза и его регуляции / А.А. Чиркин [и др.] // Вес. Нац. акад. навук Беларусі. Сер. хім. навук. – 2021. – Т.57, № 2. – С. 206-217.

4. Пинчук, П. Ю. Молекулярно-структурная гомология протеолитических лизосомальных ферментов у модельных организмов / П. Ю. Пинчук // Молодость. Интеллект. Инициатива : материалы X Международной научно-практической конференции студентов и магистрантов, Витебск, 22 апреля 2022 г. – Витебск : ВГУ имени П. М. Машерова, 2022. – С. 74–75.

ИНФРАСТРУКТУРНЫЙ КОМПОНЕНТ ТУРИСТСКО-РЕКРЕАЦИОННОГО ПОТЕНЦИАЛА РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ: РЕГИОНАЛЬНЫЕ ОСОБЕННОСТИ

*Е.В. Шаматульская, О.Д. Строчко, С.В. Чубаро
Витебск, ВГУ имени П.М. Машерова*

Туристско-рекреационный потенциал (ТРП) отражает территориальные сочетания туристско-рекреационных ресурсов и объединяет удовлетворение потребностей населения в отдыхе и туризм. В число основных компонентов ТРП входит инфраструктура, которая включает комплекс сооружений социального и рекреационного назначения и обеспечивающий доступ, и использование туристической индустрии [1].

Хорошо развитая инфраструктура привлекает большой поток туристов и способствует экономическому развитию не только региона, но и страны. Она включает в себя различные элементы: размещение, питание, развлечение и транспорт.

Цель исследования – проанализировать показатели обеспеченности туристическими инфраструктурными объектами регионов Республики Беларусь.

Материал и методы. Материалом исследования послужили данные Национального статистического комитета Республики Беларусь [2]. В ходе работы были использованы описательный, сравнительный, аналитический и статистический методы.

Результаты и их обсуждение. Для оценки инфраструктурного компонента на территории Республики Беларусь нами был проведен статистический анализ региональных данных, отражающих работу составляющих туристкой инфраструктуры в административных областях страны. Для формирования конечного рейтингового списка и определения территориальной дифференциации и территориальных особенностей работы данного компонента изучены 4 основных вида инфраструктуры, которые имеют значение для освоения туристского потенциала: инфраструктура размещения, питания, развлечений и автомобильного транспорта (таблица 1).

Обеспеченность регионов каждым видом инфраструктуры определялась расчетом их душевой и территориальной плотности и расчетом коэффициентов душевой и территориальной концентрации.