

Чиркин А.А., Долматова В.В.

## Путь, инициированный В.А. Бандариным: от классической биохимии к азам биоинформатики

УО «Витебский государственный университет им. П.М. Машерова»,  
г. Витебск, Беларусь

В 1965 году В.А. Бандарин рассмотрел материалы, представленные первым автором в качестве проекта кандидатской диссертации, и посоветовал продолжить работу под научным руководством профессора Ю.М. Островского. За последующие 50 лет после этой рекомендации методами классической биохимии решались вопросы возрастных изменений обмена веществ, биоуправляемого ультразвука, радиационно-индуцированного атеросклероза, метаболического синдрома и многое другое, что могло бы увеличить число авторов этого сообщения минимум на двух докторов и 25 кандидатов наук. Однако в последние 4 года лавинообразный поток новой информации в молекулярной и клеточной биологии заставил искать новые подходы к биохимическим исследованиям через международные базы данных в рамках биоинформатики. Поэтому вторым автором этой статьи оказалась аспирант, начавшая работу в этом направлении благодаря консультативной поддержке В.В. Хрусталёва.

Исследование видового разнообразия белков может быть инструментом для понимания как эволюции многоклеточных эукариотических организмов, так и их адаптации к изменяющимся условиям среды обитания. При исследовании гемолимфы и гепатопанкреаса прудовика обыкновенного (*Lymnaea stagnalis* L.) и катушки роговой (*Planorbarius corneus* L.) протеолитическая и антипротеолитическая активности были обнаружены в гепатопанкреасе во всем исследуемом диапазоне значений pH 3,0-9,0. При парном выравнивании с аминокислотной последовательностью трипсина человека и трипсина *Biomphalaria glabrata*, относящейся к семейству брюхоногих моллюсков (*Planorbidae*) из отряда лёгочных моллюсков (*Pulmonata*) как и катушка роговая, процент сходства составил 26,67 %. Установлено, что сайт связывания с этионином содержал по 6 аналогичных аминокислот у *Homo sapiens* (Asp 189, Ser 190, Gln 192, Ser 195, Val 213, Cys 220) и у *Biomphalaria glabrata* со сдвигом на 34-35 аминокислотных остатков (Asp 224, Ser 225, Gln 227, Ser 230, Val 248, Cys 254).

Выполняя исследования на близких видах моллюсков, но отличающихся по механизмам транспорта кислорода, необходимо было выяснить, когда и по каким возможным механизмам произошла их дивергенция. Для определения времени дивергенции были проанализированы 64 нуклеотидные последовательности гистона H4 организмов раз-

личных таксономических групп. Дендрограмму строили с помощью метода Neighbor-Joining. Поскольку существует предположение, что гемоцианин произошел от тирозиназ, были сформированы и сравнены логотипы мотивов из аминокислотных последовательностей гемоцианина и тирозиназ моллюсков. Оказалось, что время дивергенции *Lymnaea stagnalis* и *Planorbarius corneus* составило 182 миллиона лет. Данное время относится к тоарской эре (182,7–174,1 миллиона лет назад). Тогда в результате извержений вулканов возник длительный период относительной кислородной недостаточности для живых организмов, в том числе для легочных моллюсков. Можно предположить, что у *Lymnaea stagnalis* возникли некоторые преимущества в транспорте кислорода по сравнению с *Planorbis corneus*. При выравнивании последовательностей гемоцианинов и тирозиназ был обнаружен мотив (H - - - WHR), который присутствует в гемоцианинах и тирозиназах. H (His) соответствует 6 аминокислоте на логотипах гемоцианинов и тирозиназ, WHR (Trp, His, Arg) – 14, 15 и 16 соответственно. Наличие этого общего мотива может свидетельствовать в пользу предположения о происхождении гемоцианинов из тирозиназ, когда в окружающей среде снизилось количество биодоступного кислорода.

В последующих исследованиях было установлено, что гомология ферментов нерегулируемого протеолиза у человека и легочных пресноводных моллюсков находится в пределах 66–69 %, а убиквитин-протеасомного пути – 72–76 %. Приведенные данные обосновывают возможность использования моллюсков в качестве модельных организмов для изучения протеолитических процессов и их регуляции.