

УДК 577.1/3

І. А. МЕЖІЄВСЬКА, С. В. ПАВЛОВ, Г. Б. КАШАГАНОВА,
В. Ю. МАСЛОВСЬКИЙ, Д. Х. ШТОФЕЛЬ, О. С. ВОЛОСОВИЧ

ЗАСТОСУВАННЯ ІНФОРМАЦІЙНОЇ ТЕХНОЛОГІЇ BLAST ДЛЯ ПОШУКУ МІКРООРГАНІЗМІВ, ПОТЕНЦІЙНИХ ПРОДУЦЕНТІВ БІОГЕННИХ МАГНІТНИХ НАНОЧАСТОК, ЯКІ ПРИЗВОДЯТЬ ДО СЕРЦЕВИХ ЗАХВОРЮВАНЬ

Вінницький національний медичний університет ім. М. Пирогова

Вінницький національний технічний університет

Алматинський технологічний університет

Анотація. За допомогою інформаційної технології BLAST методами порівняльної геноміки проведено вирівнювання білків МТБ з білками патогенних та умовно патогенних мікроорганізмів, збудників серцевих захворювань, зокрема, міокардиту у людини.

Ключові слова: інформаційна технологія BLAST, вирівнювання білків, серцеві захворювання

Abstract. With the help of BLAST information technology, the alignment of MTB proteins with the proteins of pathogenic and conditionally pathogenic microorganisms, causative agents of heart diseases in humans, was carried out using the methods of comparative genomics.

Key words: BLAST information technology, protein alignment, heart disease

DOI:10.31649/1681-7893-2023-46-2-117-123

ВСТУП

Серцево-судинні захворювання (ССЗ) є основною причиною захворюваності та смертності в усьому світі, що несе величезний тягар охорони здоров'я, а старіння є основним фактором, що сприяє виникненню ССЗ. [1]

Проблема поширення ендокардитів та міокардитів є однією з найбільш поширених в клініці некоронарогенних серцевих захворювань. Це обумовлено багатьма причинами, численними етіологічними чинниками, різноманітністю проявів і вираженістю клінічних симптомів, а також складністю діагностики і це спричиняє визначення чітких алгоритмів лікування таких пацієнтів [2].

В останній період відмічено зростання захворюваності міокардитом. Це обумовлено, з одного боку, впровадженням в клінічну практику нових діагностичних методів. З іншого боку, збільшення числа хворих міокардитом пов'язують із зміною реактивності організму, невчасним та неправильним застосуванням медикаментозних препаратів, невиправданою імунізацією і частою реімунізацією населення [3].

ОСОБЛИВОСТІ ВИНИКНЕННЯ МІОКАРДИТУ

Міокардит може бути спровокований багатьма різними факторами навколишнього середовища, включаючи вірусні та бактеріальні інфекції, токсини та ліки [4].

Вірусні інфекції

Віруси є найчастішою причиною міокардиту. Деякі приклади вірусів, які, як відомо, викликають міокардит, включають:

- вірус Коксаки групи В, різновид ентеровірусу;
- парвовірус В19;
- аденовірус, тип вірусу, який викликає ГРВІ;
- SARS-CoV-2, коронавірус, який викликає COVID-19
- Серед інших можливих:
- вірус гепатиту С, вірусна причина запалення печінки (гепатиту);
- вірус Епштейна-Барра, збудник інфекційного моноклеозу;
- вірус простого герпесу, який може викликати оральний або генітальний герпес;
- вірус краснухи, який викликає кір;
- вірус імунодефіциту людини (ВІЛ), вірус, який атакує клітини імунної системи.

Бактерії

- Міокардит також може бути наслідком бактеріальної інфекції. Ось кілька прикладів бактерій, які можуть викликати міокардит:
- *Staphylococcus aureus*, бактерія, яка може викликати потенційно резистентні до метициліну інфекції (MRSA)
- *Corynebacterium diphtheriae*, бактерія, що викликає дифтерію, гостру інфекцію, яка руйнує клітини мигдаликів і горла
- *Borrelia burgdorferi*, бактерія, яка викликає хворобу Лайма

Грибкові інфекції

Рідше причиною міокардиту є грибки. Загалом серйозні грибкові інфекції частіше зустрічаються у людей з ослабленою імунною системою.

Якщо міокардит викликаний грибковою інфекцією, зазвичай він викликаний видами *Candida* або *Aspergillus*. *Candida* зазвичай пов'язана з вагінальними дріжджовими інфекціями та інфекцією ротової порожнини, що називається молочницею. *Aspergillus* — це пліснява, яка може викликати легеневі інфекції в осіб з ослабленим імунітетом.

Паразити

Паразити - це мікроорганізми, які живуть за рахунок інших організмів, щоб вижити. Вони також можуть викликати міокардит. Це частіше спостерігається в Центральній і Південній Америці, де паразит *Trypanosoma cruzi* викликає стан, відомий як хвороба Шагаса.

Інфекційний ендокардит (ІЕ), незважаючи на популярність лікування антибіотиками і успіхи хірургії серця залишається серйозною патологією, потенційно летальною, частота якого може зростати.

Найчастіші збудники ІЕ в даний час – золотистий стафілокок і стрептокок (до 80% випадків захворювання). Перший частіше викликає захворювання на пошкоджених клапанах, другий – інтактних. Рідше інфекційний ендокардит викликають інші мікроорганізми: ентерококи, епідермальний стафілокок, менінго-, пневмо- і гонококи, сальмонели, хламідії, бруцели, НАСЕК-група (об'єднання декількох грамнегативних паличок), а також віруси і гриби; останні два агента викликають «абактеріальну» форму ІЕ (близько 10% випадків захворювання). При катетеризації серця і тривалому стоянні катетера в центральних венах часто виявляють синьогнійну паличку [7].

Етіологічні фактори ІЕ з негативними посівами крові: *Coxiella burnetii*, *Bartonella spp.*, *Aspergillus spp.*, *Brucella spp.*, *Mycoplasma pneumonia*, *Candida spp.*, *Legionella pneumophila*, *Tropheryma whipplei*.

Ендокардит, асоційований і протезованими клапанами (10–30% ІЕ), найчастіше розвивається на 5-му або 6-му тиж. після операції; хірургічне втручання вважається причиною розвитку ІЕ до 12 міс. після проведення операції — *S. epidermidis* (найчастіше), особливо метицилінрезистентні штами, *S. aureus* і *Candida spp.*; через рік після операції етіологія така ж, як при ІЕ нативного клапана.

Грибковий ендокардит становить від 1% до 3% усіх випадків інфекційного ендокардиту, асоціюється з високою захворюваністю та смертністю (>70%) і створює численні проблеми під час клінічної допомоги. *Candida spp.* є найпоширенішими причинами грибкового ендокардиту, причетна до понад 50% випадків, за ними йдуть *Aspergillus* і *Histoplasma spp.*

БІОМЕДИЧНІ ОПТИКО-ЕЛЕКТРОННІ СИСТЕМИ ТА ПРИЛАДИ

Важливими факторами ризику розвитку грибкового ендокардиту є протези клапанів, попередні операції на серці та вживання ін'єкційних наркотиків.

Захворюваність на інфекційний ендокардит (ІЕ) залишається високою зі значним рівнем летальності; рекомендації щодо профілактики і лікування ІЕ постійно переглядаються і удосконалюються, що підкреслює актуальність і значущість проблеми [6, 8].

Мета роботи — класифікувати патогенні та умовно-патогенні мікроорганізми — збудники захворювань ССС, зокрема, інфекційного ендокардиту, які можуть бути потенційними продуцентами БМН, на предмет локалізації та властивостей БМН за допомогою методів порівняльної геноміки з перспективою їх подальшого використання як магнітокерованих векторів для цільової доставки лікарських препаратів.

ОСОБЛИВОСТІ ІНФОРМАЦІЙНОЇ ТЕХНОЛОГІЇ BLAST

BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) — це набір програм, розроблених для виконання пошуку подібності в базі даних послідовностей. Вчені часто використовують такі пошуки, щоб отримати уявлення про еволюційні зв'язки та використовувати їх для висновку про функцію та біологічну важливість генних продуктів. BLAST використовує алгоритм, який шукає локальне вирівнювання (вирівнювання деякої частини двох послідовностей) на відміну від глобального вирівнювання (вирівнювання двох послідовностей по всій їх довжині). Шляхом пошуку локальних вирівнювань BLAST може ідентифікувати області подібності в межах двох послідовностей [8,9,10].

The image shows the web interface of the BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) program. At the top, there is the NIH logo and the text 'National Library of Medicine National Center for Biotechnology Information'. Below this, the text 'BLAST® » blastp suite' is displayed. The main interface is titled 'Standard Protein BLAST'. There are several tabs: 'blastn', 'blastp', 'blastx', 'tblastn', and 'tblastx', with 'blastp' currently selected. The 'Enter Query Sequence' section contains a text input field with the sequence 'WP_199791967.1', a 'Clear' button, and a 'Query subrange' section with 'From' and 'To' fields. Below this is an 'Or, upload file' section with a 'Вибрати файл' button and a 'Файл не вибрано' message. There is also a 'Job Title' field with a placeholder 'Enter a descriptive title for your BLAST search'. A checkbox for 'Align two or more sequences' is present. The 'Choose Search Set' section has a 'Databases' section with 'Standard databases (nr etc.)' selected (marked 'New') and 'Experimental databases' unselected. A 'Compare' section has a checkbox for 'Select to compare standard and experimental database'. Under the 'Standard' section, the 'Database' is set to 'Non-redundant protein sequences (nr)'. The 'Organism' field is set to 'Coxiella burnetii (taxid:777)' with an 'exclude' checkbox and an 'Add organism' button. There are also checkboxes for 'Exclude' options: 'Models (XM/XP)', 'Non-redundant RefSeq proteins (WP)', and 'Uncultured/environmental sample sequences'. A prominent button says 'Try experimental clustered nr database' with a magnifying glass icon and a link to 'For more info see What is clustered nr?'.

Рисунок 1 – Програмний інтерфейс програми BLAST

МАТЕРІАЛИ І МЕТОДИ

У дослідженні використано методи попарного та множинного вирівнювання з використанням програми "BLAST", Національного центру біотехнологічної інформації (NCBI), яка відкрита у вільному

БІОМЕДИЧНІ ОПТИКО-ЕЛЕКТРОННІ СИСТЕМИ ТА ПРИЛАДИ

доступі [27]. Проведено аналіз порівняння амінокислотних послідовностей білків групи Mat, без яких неможлива біомінералізація БМН у *Magnetospirillum gryphiswaldense* (16S rRNA pseudouridine(516) з протеомами бактерій *Staphylococcus aureus* (taxid:1280), *Borrelia burgdorferi* (taxid:139), *Coxiella burnetii*, *Mycoplasma pneumonia*, *Brucella sp*, *Legionella pneumophila*, *Aspergillus* (taxid:5052).

МЕТОДИКА ВИРІВНЮВАННЯ ДОСЛІДЖУВАНОВОГО БІЛКА З НЕОБХІДНИМ МІКРООРГАНІЗМОМ – ЗБУДНИКОМ ЗАХВОРЮВАННЯ

Вибрав шукає мий білок у мікроорганізмі *Magnetospirillum gryphiswaldense* і нажав справу Run Blast, вирівнявши його з необхідним мікроорганізмом – збудником серцевих захворювань (рис. 2).

NIH National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

BLAST® » blastp suite » results for RID-RC0E6RSU013

Your search is limited to records that include: *Coxiella burnetii* (taxid:777)

Job Title ref|WP_106001196.1
RID RC0E6RSU013 Search expires on 12-12 01:21 am Download All
Program PSI-BLAST Iteration 1 Citation
Database nr See details
Query ID WP_106001196.1
Description 16S rRNA pseudouridine(516) synthase [Magnetospirillum ...
Molecule type amino acid
Query Length 230
Other reports Distance tree of results Multiple alignment MSA viewer

Filter Results

Organism only top 20 will appear exclude
Type common name, binomial, taxid or group name
[+ Add organism](#)

Percent Identity to
E value to
Query Coverage to

PSI-BLAST incl. threshold
 Filter **Reset**

Run PSI-Blast iteration 2

Sequences with E-value BETTER than threshold

select all 20 sequences selected **PSI-BLAST iteration 1**

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession	Select for PSI blast	Used to build PSSM	Newly added
<input checked="" type="checkbox"/> pseudouridine synthase [Coxiella burnetii]	Coxiella burnetii	92.0	92.0	99%	9e-23	31.80%	244	WP_259430858.1	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	
<input checked="" type="checkbox"/> pseudouridine synthase [Coxiella burnetii]	Coxiella burnetii	90.9	90.9	99%	2e-22	31.80%	244	WP_005768720.1	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	
<input checked="" type="checkbox"/> pseudouridine synthase [Coxiella burnetii]	Coxiella burnetii	90.9	90.9	99%	2e-22	31.38%	244	WP_011996860.1	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	
<input checked="" type="checkbox"/> pseudouridine synthase [Coxiella burnetii]	Coxiella burnetii	90.9	90.9	99%	2e-22	31.80%	244	WP_005772337.1	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	
<input checked="" type="checkbox"/> pseudouridine synthase [Coxiella burnetii]	Coxiella burnetii	89.4	89.4	99%	8e-22	30.96%	244	WP_012570014.1	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	
<input checked="" type="checkbox"/> pseudouridine synthase [Coxiella burnetii]	Coxiella burnetii	89.0	89.0	99%	1e-21	30.54%	244	WP_010957977.1	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	
<input checked="" type="checkbox"/> pseudouridine synthase [Coxiella burnetii]	Coxiella burnetii	88.6	88.6	99%	1e-21	30.54%	244	WP_012220350.1	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	
<input checked="" type="checkbox"/> pseudouridine synthase [Coxiella burnetii]	Coxiella burnetii	88.6	88.6	99%	2e-21	30.54%	244	WP_042526511.1	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	
<input checked="" type="checkbox"/> pseudouridine synthase [Coxiella burnetii]	Coxiella burnetii	88.2	88.2	99%	2e-21	30.54%	244	MDE3399611.1	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	
<input checked="" type="checkbox"/> phenylalanine-tRNA ligase subunit beta [Coxiella burnetii]	Coxiella burnetii	37.7	37.7	60%	0.003	29.45%	792	WP_264774279.1	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	
<input checked="" type="checkbox"/> phenylalanine-tRNA ligase subunit beta [Coxiella burnetii]	Coxiella burnetii	37.7	37.7	60%	0.003	29.45%	792	WP_103093453.1	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	
<input checked="" type="checkbox"/> phenylalanine-tRNA ligase subunit beta [Coxiella burnetii]	Coxiella burnetii	37.7	37.7	60%	0.003	29.45%	792	WP_259411645.1	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	
<input checked="" type="checkbox"/> phenylalanine-tRNA ligase subunit beta [Coxiella burnetii]	Coxiella burnetii	37.7	37.7	60%	0.003	29.45%	792	WP_042526799.1	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	
<input checked="" type="checkbox"/> phenylalanine-tRNA ligase subunit beta [Coxiella burnetii]	Coxiella burnetii	37.7	37.7	60%	0.003	29.45%	792	WP_005772935.1	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	

Рисунок 2 – Методика вирівнювання білка з необхідним мікроорганізмом – збудником серцевих захворювань

При пошуку гомологів найбільш важливими параметрами є номери Ident і E-value. E-число – це очікуване число послідовностей у базі даних, яке має таке ж, або краще значення числа z (мережа не випадковості випадковостей при вирівнюванні послідовностей). Вибираються з рисунку 2 ті гомологи, значення E-числа в яких $E \leq 0,02$. Крім числа E, необхідно також врахувати параметр Ident, за яким можна стверджувати про структуру та функції вирівнюваних послідовностей.

Таблиця 1

Порівняння білків МТБ *Magnetospirillum gryphiswaldense* та білків потенційних продуцентів кристалічних БМН, що є збудниками серцевих захворювань

<u>Description</u>	<u>Scientific Name</u>	<u>Max Score</u>	<u>Total Score</u>	<u>Query Cover</u>	<u>E value</u>	<u>Per. Ident</u>	<u>Acc. Len</u>	<u>Accession</u>
<u>pseudouridylate synthase [Staphylococcus aureus subsp. aureus CO-98]</u>	<u>Staphylococcus aureus subsp. aureus CO-98</u>	157	157	98%	9e-46	36.80%	230	<u>KDP54500.1</u>
<u>pseudouridine synthase [Borrelia burgdorferi]</u>	<u>Borrelia burgdorferi</u>	95.5	95.5	97%	6e-24	25.86%	249	<u>WP_002556731.1</u>
<u>pseudouridine synthase [Coxiella burnetii]</u>	<u>Coxiella burnetii</u>	92.0	92.0	99%	9e-23	31.80%	244	<u>WP_259430858.</u>
<u>RluA family pseudouridine synthase [Mycoplasmoides pneumoniae]</u>	<u>Mycoplasmoides pneumoniae</u>	33.1	33.1	73%	0.021	23.08%	309	<u>WP_014325446.1</u>
<u>pseudouridine synthase [Brucella sp.]</u>	<u>Brucella sp.</u>	67.8	67.8	93%	8e-14	32.61%	626	<u>WP_313031203.1</u>
<u>TPA: pseudouridine synthase [Legionella pneumophila]</u>	<u>Legionella pneumophila</u>	76.3	76.3	98%	1e-15	29.41%	248	<u>HEL8436968.1</u>
<u>hypothetical protein KXV85_003662 [Aspergillus fumigatus]</u>	<u>Aspergillus fumigatus</u>	127	127	50%	1e-35	32.31%	131	<u>KAH2818792.1</u>

Наприклад, якщо дві білки мають ідентифікатор більше 45%, то вони мають схожу структуру та функції [12, 13, 14].

Методами порівняльної геноміки за допомогою інформаційної технології BLAST проведено вирівнювання білків МТБ з білками патогенних та умовно патогенних мікроорганізмів, збудників серцевих захворювань у людини. Показано, що такі штами, як *Staphylococcus aureus* (taxid:1280), *Borrelia burgdorferi* (taxid:139), *Coxiella burnetii*, *Mycoplasma pneumoniae*, *Brucella sp.*, *Legionella pneumophila*, *Aspergillus* (taxid:50520) є потенційними продуцентами саме кристалічного магнетиту і відносяться до 4-ї групи, оскільки мають гомологи всіх білків, і таким чином, без яких неможлива біомінералізація магнітних наночастинок, включаючи білок MatA, що відповідає за синтез кристалічних наночастинок [12,13].

ВИСНОВКИ

За допомогою інформаційної технології BLAST методами порівняльної геноміки проведено вирівнювання білків МТБ з білками патогенних та умовно патогенних мікроорганізмів, збудників серцевих захворювань у людини. Показано, що такі штами, як *Staphylococcus aureus* (taxid:1280), *Borrelia burgdorferi* (taxid:139), *Coxiella burnetii*, *Mycoplasma pneumoniae*, *Brucella* sp, *Legionella pneumophila*, *Aspergillus* (taxid:50520) потенційними продуцентами саме кристалічного магнетиту і відносяться до 4-ї групи, оскільки мають гомологи всіх білків, і таким чином, без яких неможлива біомінералізація магнітних наночастинок, включаючи білок MamA, що відповідає за синтез кристалічних наночастинок.

Показано авторами [12], що саме патогенні мікроорганізми, які мають властивості накопичуватися, при впливі зовнішнього магнітного поля можуть знищуватися завдяки дії гіпертермії, і це дозволяє підвищити місцевий імунітет і тим самим прискорити певні регенеративні процеси.

Дослідження виконано за підтримки гранту Національного фонду досліджень України 2022.01/0135.

СПИСОК ЛІТЕРАТУРИ / REFERENCES

1. Yang X., Gokulnath P., Lehmann H. I., & Shang H. RNA modifications in aging-associated cardiovascular diseases. *Aging* (Albany NY). 2022 Sep 29;14(19):8110-8136. doi: 10.18632/aging.204311. Epub 2022 Sep 29. PMID: 36178367; PMCID: PMC9596201.
2. Ammirati, E., Frigerio, M., Adler, E. D., & Camici, P. G. (2020). Management of Acute Myocarditis and Chronic Inflammatory Cardiomyopathy: An Expert Consensus Document. *Circulation. Heart failure*, 13(11), e007405. <https://doi.org/10.1161/CIRCHEARTFAILURE.120.007405>
3. Lampejo, T., Durkin, S. M., Bhatt, N., & Guttman, O. (2021). Acute myocarditis: aetiology, diagnosis and management. *Clinical medicine* (London, England), 21(5), e505–e510. <https://doi.org/10.7861/clinmed.2021-0121>
4. Tschöpe, C., Cooper, L. T., Torre-Amione, G., & Van Linthout, S. (2019). Management of Myocarditis-Related Cardiomyopathy in Adults. *Circulation research*, 124(11), 1568–1583. <https://doi.org/10.1161/CIRCRESAHA.118.313578>
5. Lung B. (2019). Endocardite infectieuse. *Épidémiologie, physiopathologie et anatomopathologie* [Infective endocarditis. Epidemiology, pathophysiology and histopathology]. *Presse medicale* (Paris, France : 1983), 48(5), 513–521. <https://doi.org/10.1016/j.lpm.2019.04.009>
6. Vogkou, C. T., Vlachogiannis, N. I., Palaiodimos, L., & Kousoulis, A. A. (2016). The causative agents in infective endocarditis: a systematic review comprising 33,214 cases. *European journal of clinical microbiology & infectious diseases* : official publication of the European Society of Clinical Microbiology, 35(8), 1227–1245. <https://doi.org/10.1007/s10096-016-2660-6>
7. Thompson, G. R., 3rd, Jenks, J. D., Baddley, J. W., & Hoenigl, M. (2023). Fungal Endocarditis: Pathophysiology, Epidemiology, Clinical Presentation, Diagnosis, and Management. *Clinical microbiology reviews*, 36(3), e0001923. <https://doi.org/10.1128/cmr.00019-23>
8. Victoria Delgado, Nina Ajmone Marsan, Suzanne de Waha, & Michael A Borger, ESC Scientific Document Group, 2023 ESC Guidelines for the management of endocarditis: Developed by the task force on the management of endocarditis of the European Society of Cardiology (ESC) Endorsed by the European Association for Cardio-Thoracic Surgery (EACTS) and the European Association of Nuclear Medicine (EANM), *European Heart Journal*, Volume 44, Issue 39, 14 October 2023, Pages 3948–4042, <https://doi.org/10.1093/eurheartj/ehad193>
9. Pertsemlidis A; Fondon JW (2001). "Having a BLAST with bioinformatics (and avoiding BLASTphemy)". *Genome Biology*. 2 (10): reviews2002.1. DOI:10.1186/gb-2001-2-10-reviews2002. PMID 11597340.

10. Altschul SF; Gish W; Miller W; Myers EW; Lipman DJ (1990). "Basic local alignment search tool". *Journal of Molecular Biology*. 215 (3): 403—410. DOI:10.1016/S0022-2836(05)80360-2. PMID 2231712.
11. Boratyn GM; Schäffer AA; Agarwala R; Altschul SF; Lipman DJ; Madden TL (2012). "Domain enhanced lookup time accelerated BLAST". *Biology Direct*. 7: 12. DOI:10.1186/1745-6150-7-12
12. S.V. Gorobets, O.Yu. Sparrow, K.O. Butenko. Potential producers of biogenic magnetic nanoparticles among pathogenic and opportunistic microorganisms, *Innov Biosyst Bioeng*, 2018, vol. 2, no. 1, 33–41 doi: 10.20535/ibb.2018.2.1.127260
13. Gorobets SV, Gorobets OYu. Function of biogenic magnetic nanoparticles in organisms. *Functional Mater*. 2012;19(1):18-26. DOI: 10.1002/adfm.v22.24
14. Gorobets SV, Gorobets OYu. Biomineralization of biogenic magnetic nanoparticles and their possible functions in cells of prokaryotes and eukaryotes. In: *Dekker Encyclopedia of Nanoscience and Nanotechnology*. 3rd ed. Taylor&Francis; 2014. p. 300-6.

Надійшла до редакції 15.10.2023р.

МЕЖІЄВСЬКА ІРИНА АНАТОЛІЇВНА – к.м.н, доцент кафедри внутрішньої медицини No. 3, Вінницький національний медичний університет ім. М. Пирогова, м. Вінниця, вул. Пирогова, 56, 21018, Україна, ORCID:0000-0003-0676-379X, [e-mail: irinamezhievska@gmail.com](mailto:irinamezhievska@gmail.com)

ПАВЛОВ СЕРГІЙ ВОЛОДИМИРОВИЧ – д.т.н., професор кафедри біомедичної інженерії та оптико-електронних систем, Вінницький національний технічний університет, м. Вінниця, Хмельницьке шосе, 95, 21021, Україна, ORCID: 0000-0002-0051-5560, [e-mail: psv@vntu.edu.ua](mailto:psv@vntu.edu.ua)

КАШАГАНОВА ГУЛЖАН БАКИТІВНА – Доктор Ph.D. асоційований професор, Інститут автоматики та інформаційних технологій, Кафедра Електроніки, телекомунікації та космічних технологій, Алматинський технологічний університет, ORCID: 0000-0002-5213-4882, [e-mail: g.kashaganova@satbayev.university](mailto:g.kashaganova@satbayev.university)

МАСЛОВСЬКИЙ ВАЛЕНТИН ЮРІЙОВИЧ – д.м.н, доцент кафедри внутрішньої медицини No. 3, Вінницький національний медичний університет ім. М. Пирогова, м. Вінниця, вул. Пирогова, 56, 21018, ORCID: 0000-0001-5184-1799, [e-mail: ymaslovskiy@gmail.com](mailto:ymaslovskiy@gmail.com)

ШТОФЕЛЬ ДМИТРО ХУАНОВИЧ – к.т.н., доцент кафедри біомедичної інженерії та оптико-електронних систем, Вінницький національний технічний університет, м. Вінниця, Хмельницьке шосе, 95, 21021, Україна, ORCID: 0000-0002-9807-5179, [e-mail: shtofel@vntu.edu.ua](mailto:shtofel@vntu.edu.ua)

ВОЛОСОВИЧ ОЛЕКСАНДР СЕРГІЙОВИЧ – магістр, аспірант, кафедри біомедичної інженерії та оптико-електронних систем, Вінницький національний технічний університет, м. Вінниця, Хмельницьке шосе, 95, 21021, Україна, ORCID: 0000-0002-5497-6805, [e-mail: sashka.v0@gmail.com](mailto:sashka.v0@gmail.com)

Iryna MEZHIEVSKA, Sergii PAVLOV, Gulzhan KASHAGANOVA,
Valentyn MASLOVSKYI, Dmytro SHTOFEL, Oleksandr VOLOSOVYCH

**USING OF BLAST INFORMATION TECHNOLOGY FOR SEARCHING
MICROORGANISMS, POTENTIAL PRODUCERS OF BIOGENIC MAGNETIC
NANOPARTICLES WHICH LEAD TO HEART DISEASES**

Vinnitsia National Medical University named after M. Pirogov
Vinnitsia National Technical University
Almaty Technological University