

## **Сравнительный анализ аминокислотных последовательностей нейрогенных локусов белков семейства Notch**

*Голубовская Ирина Сергеевна, Ковалевская Дарья Викторовна*

*Белорусский государственный медицинский университет, Минск*

*Научный(-е) руководитель(-и) – кандидат медицинских наук, доцент **Олецкий Эдуард Иванович**, Белорусский государственный медицинский университет, Минск*

### **Введение**

В организме человека постоянно протекают процессы, требующие немедленного клеточного ответа. При этом роль рецепторов особенно велика. Несмотря на важную роль всех видов рецепторов, среди них можно выделить группу рецепторов, которые играют ключевую роль в развитии всех органов и тканей. Это группа Notch-рецепторов. К сожалению, они принимают участие как в физиологических процессах, так и в патологических.

### **Цель исследования**

Провести сравнительный анализ первичной структуры белков семейства Notch и выявить причину их функциональной индивидуальности.

### **Материалы и методы**

В выборку были включены 4 разновидности Notch-белков человеческого организма. Объём различных баз данных первичных последовательностей велик и растёт экспоненциально. Для получения данных о структурной последовательности нейрогенных локусов была использована база данных GeneBank (NCBI), содержащая около 150 млрд. пар оснований. Для дальнейшего анализа полученных аминокислотных последовательностей в формате FASTA была использована программа MEGA (Molecular Evolutionary Genetics Analysis).

### **Результаты**

Интересующие нас показатели - это общая и попарная консервативность, попарные вариабельность и дистанция. По процентному содержанию выделяют 4 группы сходства белков: наличие более 45% идентичных остатков в выравнивании указывает на то, что сравниваемые белки очень похожи, при результате от 25% до 45% белки имеют сходную пространственную укладку, показатель в 18% - 25% является "переходной зоной", а при менее 18% сходства, как правильно, нет. Возвращаясь к полученным результатам, наблюдаем наибольшую консервативность у пары Notch 1 - Notch 2: эти белки очень похожи. Остальные пары, в большинстве, являются сходными белками. По показателю вариабельности пара Notch 1 - Notch 2 является 3-ей из шести представленных, начиная с менее консервативной пары, а по результатам попарной дистанции лидирует, проявляя наименьший показатель. Исходя из проведённого анализа отмечаем, что пара белков Notch 1 - Notch 2 является наиболее схожей из представленных пар, что и наблюдается в построенной филогенетическом дереве.

### **Выводы**

Основываясь на высоком сходстве аминокислотных последовательностей белков Notch 1 и Notch 2, можно утверждать, что эти белки выполняют сходную функцию: напрямую оказывают влияние на нейрогенез. Факт генетической отдалённости белка Notch 4 от остальных участников выборки подтверждает его несоответствие выполняемой функции: является онкогеном.