

*Калинычев А. В.*

**АНАЛИЗ ИЗМЕНЧИВОСТИ НУКЛЕОТИДНЫХ  
ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ГИПЕРВАРИАБЕЛЬНОГО  
СЕГМЕНТА II МИТОХОНДРИАЛЬНОЙ ДНК ЧЕЛОВЕКА**

**Научный руководитель канд. биол. наук, ассист. Хрусталёв В. В.**

*Кафедра общей химии*

*Белорусский государственный медицинский университет, г. Минск*

**Цель:** проанализирована изменчивость нуклеотидных последовательностей гипервариабельного сегмента II (ГВС2) митохондриальной ДНК (мтДНК) человека.

**Материал и методы.** Сиквенсы мт-ДНК были взяты из биологической базы данных GenBank. Были произведены попарные выравнивания последовательностей с RSRS (Reconstructed Sapiens Reference Sequence) алгоритмом MUSCLE. Для подсчёта нуклеотидного состава инвариантных сайтов, а также средних частот использования нуклеотидов и процентного содержания вариабельных сайтов использовали алгоритм VVK VarInvar.

**Результаты.** Всего было проанализировано 94 ГВС2. В инвариантных сайтах (таковых было 91,37%) частота использования цитозина выше, чем в среднем по этим последовательностям (35,71% и 33,90%). Частоты использования всех остальных нуклеотидов несколько ниже в инвариантных сайтах, чем в среднем по последовательностям (гуанин: 12,45% и 13,15%; аденин: 29,12% и 29,29%; тимин: 22,71% и 23,76%). По результатам подсчёта процентного соотношения вариабельных сайтов выявлено, что среди них преобладают сайты, содержащие цитозин и тимин (51,11%). На втором месте по встречаемости сайты, содержащие аденин и гуанин (46,67%).

**Заключение.** Наиболее частыми в ДНК гипервариабельного сегмента II митохондрий человека являются нуклеотидные мутации тимина в цитозин. В пользу этого свидетельствует как высокая частота использования цитозина, так и накопление его в инвариантных сайтах.