

рии синусно-предсердного узла. Далее для каждого полутонкого среза строили графики распределения относительной плотности автордиографической метки вдоль артерий.

Характер распределения количества катехоламиновых рецепторов латеральной области синусно-предсердного узла оказался неоднородным вдоль артерии. Наименьшее количество рецепторов характерно для исходного ДПР. Вниз вдоль артерии (по ходу кровотока) в области функционального хвоста наблюдается плавный характер нарастания плотности мечения катехоламиновых рецепторов до максимальных значений с некоторым последующим снижением их представленности, тогда как вверх вдоль артерии количество рецепторов резко возрастает до практически максимальных величин. Количество мест связывания ^3H -DNA в периартериальной области значительно превосходило таковое, измеренное в ткани перинодального атриального миокарда. Распределение плотности М-холинэргических рецепторов имело аналогичный характер. Количество мест связывания ^3H -QNB в ткани синусно-предсердного узла находилось на уровне перинодального атриального рабочего миокарда. Такой характер распределения холино- и адренорецепторов в центральной части синусно-предсердного узла сердца крысы вполне объясняет направление и степень передвижения ДПР в ответ на введение ацетилхолина и норадреналина *in vitro*.

АНАЛИЗ ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИХ ВЗАИМООТНОШЕНИЙ БЕЛКОВ СЕМЕЙСТВА АЛЬБУМИНОИДНЫХ ГЕНОВ

Терентьев А.А., Молдогазиева Н.Т.

*Российский государственный
медицинский университет,
Москва*

Цель исследования: Семейство белков – продуктов альбуминоидных генов состоит из сывороточного альбумина, альфа-фетопротеина (АФП), альфа-альбумина (афамин) и витаминД-связывающего белка (ВДСБ). Представители этого семейства обладают молекулярной массой в пределах от 66 (альбумин) до 82 кДа (афамин), при этом различия в молекулярной массе этих белков обусловлены, преимущественно, разным содержанием углеводов. Белки этого семейства демонстрируют относительно высокую степень сходства первичной структуры (так, до 40% идентичности наблюдается между аминокислотными последовательностями АФП и сывороточного альбумина). Целью нашего исследования было проведение филогенетического анализа всех представителей семейства альбуминоидных генов у разных биологических видов.

Методы: В настоящее время в базах данных первичных структур белков Swiss-Prot и TrEMBL существуют аминокислотные последовательности всех четырех представителей этого семейства лишь для трех биологических видов – человека, мыши и крысы. С использованием программы ClustalW (версия 1.82) нами осуществлено попарное выравнивание полных (незрелых) аминокислотных последовательностей

альбумина, АФП, афамина и ВДСБ человека мыши и крысы. Степень сходства между белками оценивалась по значениям идентичности (score) в каждой паре.

Результаты: Значение идентичности для пары альбумин-АФП оказалось наибольшим у человека (40%) и наименьшим у крысы (32%), в то время как у мыши оно составляло 34%. В паре альбумин-афамин значения идентичности убывали в ряду человек (34%), мышь (29%) и крыса (28%). Значения идентичности в паре альбумин-ВДСБ оказались практически одинаковыми у всех трех видов млекопитающих (22% у крысы и по 21% у человека и мыши).

В паре АФП-афамин наибольшая степень идентичности наблюдается у человека (39%), в то время как у мыши (32%) и крысы (31%) эти значения очень близки. Наименьшие значения идентичности оказались характерно для пар АФП-ВДСБ (от 19% у мыши до 17% у мыши и 16% у человека) и афамин-ВДСБ – у человека 19%, по 17% у мыши и крысы.

Выводы: Попарное выравнивание показало, что все четыре белка данного семейства обладают большим сходством у мыши и крысы, по сравнению с человеком. У всех рассмотренных биологических видов значения идентичности между парами убывают в ряду альбумин-АФП, АФП-афамин, альбумин-афамин, альбумин-ВДСБ, афамин-ВДСБ и АФП-ВДСБ. Причем, если значения идентичности между парами: альбумин-АФП, альбумин-афамин и АФП-афамин у разных видов отличаются на 5-8%, то степени идентичности между парами с участием ВДСБ отличаются лишь на 1-3%.

Сходство первичных последовательностей в парах альбумин-ВДСБ и АФП-ВДСБ у человека меньше, чем у грызунов, в то время как во всех остальных парах значения идентичности у человека заметно превышают эти значения у грызунов. Здесь, вероятно имеет место неравномерность дивергенции этих белков в процессе эволюции.

Наименьшая степень сходства в парах с ВДСБ объясняется тем обстоятельством, что аминокислотная последовательность этого белка существенно короче у всех видов (полная аминокислотная последовательность составляет 474 а.о. у человека и 476 а.о. у грызунов), чем в других белках (от 599- до 611 а.о. в незрелых белках). Попарное выравнивание выявляет большие участки выпадений аминокислотных остатков вблизи от или на С-конце полипептидной цепи. Вероятно, витамин Д-связывающий белок является самым молодым представителем семейства белков альбуминоидных генов и ген, кодирующий этот белок, образовался в процессе эволюции путем делеций или вырезания больших участков на 5'-конце (или вблизи от 5'-конца) гена-предшественника.