

маты дивергировали около 80 млн. лет назад ( $T = 8 \cdot 10^7$ ), то скорость синонимичных замен для этих последовательностей будет равна  $k_{\text{нукл.}} = K/2T = 0,51 \cdot 10^{-9}$  сайт в год. Следует отметить, что синонимичные мутации во втором положении для данных нуклеотидных последовательностей отсутствуют. Для первого положения (1 транзиция, трансверсии отсутствуют)  $P_1 = 0,0033$ ,  $Q_1 = 0$  и  $K_1 = 0,0033 \pm 0,003$ ,  $k_1 = 0,02 \cdot 10^{-9}$  на сайт в год. Для третьего положения (56 транзиций и 12 трансверсий) –  $P_3 = 0,1867$ ,  $Q_3 = 0,0400$ , тогда  $K_3 = 0,2876 \pm 0,038$  и  $k_3 = 1,80 \cdot 10^{-9}$  на сайт в год. Скорость синонимичных замен по третьему положению кодонов в 90 раз выше таковой по первому положению. Используя формулы, получаем  $w = 0,15$  и  $1 - w = 0,85$ . Таким образом, транзиции приблизительно в 5,6 раза более вероятны, чем трансверсии.

Анализ приведенных данных по частоте синонимичных мутаций в кодирующей области мРНК G1 $\alpha$ 2-субъединицы мыши и человека позволяет сделать следующие выводы: 1) транзиции более вероятны, чем трансверсии; 2) скорость синонимичных замен по третьему положению кодонов выше таковой по первому положению.

#### Литература

1. Bray P., Carter A., Simons C., Guo V., Puckett C., Kamholz J., Spiegel A., Nirenberg M.// Proc. Natl. Acad. Sci. USA.– 1986.– Vol.83 (23).–P.8893 – 8897.
2. Harris B.A.// Nucl. Acids Res.–1988.–Vol.16 (8).–P.3585.
3. Peters J., Wroe S.F., Wells C.A., Miller H.J., Bodle D., Beechey C.V., Williamson C. M., Kelsey G.// Proc. Natl. Acad. Sci. USA.– 1999.– Vol.96 (7).–P.3830 – 3835.
4. Tompson J.D., Higgins D.G., Gibson T.J.//Nucl. Acids Res.–1994.–Vol.22.–P.4673–4680.

## ВАРИАНТНАЯ АНАТОМИЯ БИФУРКАЦИИ БРЮШНОЙ АОРТЫ

*Д.А. Волчкевич, Т.Н. Макеева*

Научный руководитель – к.м.н., доцент *Е.С. Околокулак*  
Гродненский государственный медицинский университет

В настоящее время вариантная анатомия сосудистой системы, в том числе и системы брюшной аорты с подвздошными артериями, является актуальной как анатомической, так и хирургической проблемой.

Цель исследования – изучить варианты уровня бифуркации брюшной аорты у новорожденных обоего пола.

Методы исследования – макромикропрепарирование, рентгеноангиография, морфометрия и статистическая обработка полученных данных.

Материал исследования – 45 препаратов артерий таза новорожденных, из них: 18 препаратов мальчиков (9 – левых и 9 – правых) и 27 препаратов девочек (14 – левых и 13 – правых).

Результаты исследования: установлена значительная вариабельность уровня бифуркации аорты. Так, аорта раздваивалась на уровне верхнего края тела  $L_4$  в 13,3% случаев, на уровне середины тела  $L_4$  – в 33,3% случаев, на уровне нижнего края тела  $L_4$  – в 24,4% случаев, на уровне верхнего края  $L_5$  – в 11,1% случаев, бифуркация аорты находилась на уровне середины тела  $L_5$  в 13,3% случаев, а на уровне нижнего края этого же позвонка – всего в 4,4% случаев. Кроме того, обнаружена зависимость уровня деления аорты от пола (таблица).

Таблица

Зависимость уровня бифуркации брюшной аорты от пола, в %

Вариант	Мальчики	Девочки
Верхний край тела $L_4$	22,2	7,4
Середина тела $L_4$	38,9	29,6
Нижний край тела $L_4$	11,1	33,3
Верхний край тела $L_5$	16,6	7,4
Середина тела $L_5$	11,1	14,8
Нижний край тела $L_5$	--	7,4

Как видно из таблицы, у девочек брюшная аорта чаще делится на уровне нижнего края тела  $L_4$ , в то время как у мальчиков – на уровне середины тела этого позвонка. Кроме того, только у девочек имела место бифуркация аорты на уровне нижнего края тела  $L_5$ .

Выводы: установлена значительная вариабельность уровня бифуркации брюшной аорты у новорожденных, а также зависимость его (уровня) от пола. Полученные результаты необходимо учитывать при проведении хирургических вмешательств на сосудах брюшной и тазовой полостей.

## О СКОРОСТИ МОЛЕКУЛЯРНОЙ ЭВОЛЮЦИИ САЙТОВ СВЯЗЫВАНИЯ С АДЕНИЛАТЦИКЛАЗОЙ $\alpha$ -СУБЪЕДИНИЦ S2 ГЕТЕРОТРИМЕРНЫХ G<sub>s</sub>-БЕЛКОВ БЕСПОЗВОНОЧНЫХ ЖИВОТНЫХ

*А.В. Бутвиловский*

Научный руководитель – д.б.н., профессор *Е.В. Барковский*  
*Белорусский государственный медицинский университет*

Аденилатцикловая клеточная сигнальная система состоит из 3 компонентов: рецептора, аденилатциклазы и G-белка, являющегося посредником между ними. G-белок представляет собой гетеротримерную структуру, состоящую из трех субъединиц:  $\alpha$ ,  $\beta$  и  $\gamma$ . Среди 18 известных в настоящее время типов  $\alpha$ -субъединиц наиболее изученной является G<sub>s</sub> $\alpha$ -субъединица. Исследованиями Chen Y. [2] были определены 3 сайта связывания G<sub>s</sub> $\alpha$ -субъединицы с аденилатциклазой и установлены их функции. Первый (Switch 1 участок, аминокислотные остатки 199-216) и второй (Switch 2 участок, аминокислотные остатки 222-247) сайты связывания ответственны за стимуляцию активности аденилатциклаз. Функция третьего сайта связывания (аминокислотные остатки 268-286; расположен в  $\alpha 3$ - $\beta 5$  области) заключается в ингибировании базальной, форсколин- и G<sub>s</sub> $\alpha$ -стимулированной ферментативной активности. Принимая во внимание, что этот участок G<sub>s</sub> $\alpha$  взаимодействует с центральной цитоплазматической петлей и C-терминалом аденилатциклазы, то он может быть вовлечен в блокирование взаимодействия между этими двумя доменами. Эти данные в сочетании с доступной информацией о структуре компонентов аденилатцикловой системы позволяют предположить, что  $\alpha 3$ - $\beta 5$  петля G<sub>s</sub> $\alpha$  может соединять центральную цитоплазматическую петлю с C-терминалом аденилатциклазы, позволяя Switch 1 и Switch 2 передавать сигнал для активации аденилатциклазы.

Цель исследования: установить основные закономерности эволюции сайтов связывания с аденилатциклазой  $\alpha$ -субъединиц S2 G<sub>s</sub>-белков беспозвоночных животных. Проанализированы аминокислотные последовательности G $\alpha$ -субъединицы S2 следующих беспозвоночных животных: плоских червей (*Schistosoma mansoni*), круглых червей (*Caenorhabditis elegans*), моллюсков (*Lymnaea stagnalis*), ракообразных (*Homarus americanus*) и насекомых (*Drosophila melanogaster*). Для выравнивания аминокислотных последовательностей использовалась программа CLUSTAL W. Среднее число аминокислотных замен ( $K_{aa}$ ) и скорость эволюционных замен аминокислот ( $k_{aa}$ ) рассчитаны по формулам, предложенными Кимурой М. [1].

Нами были получены следующие значения  $K_{aa}$  по трем сайтам связывания с аденилатциклазой: для плоских червей  $K_{aa} = 0,13$ , круглых червей  $K_{aa} = 0,10$ , моллюсков  $K_{aa} = 0,04$ , ракообразных  $K_{aa} = 0,02$ . Отсюда получены соответствующие скорости эволюционных замен аминокислот: для плоских червей  $k_{aa} = 0,06 \cdot 10^{-9}$ , круглых червей  $k_{aa} = 0,05 \cdot 10^{-9}$ , моллюсков  $k_{aa} = 0,03 \cdot 10^{-9}$  и ракообразных  $k_{aa} = 0,02 \cdot 10^{-9}$  на сайт в год. Однако гораздо интереснее рассмотреть особенности молекулярной эволюции для каждого из трех сайтов по отдельности. Для плоских червей  $k_{aa}$  для участка Switch 1 составила  $0,11 \cdot 10^{-9}$ , для Switch 2 –  $0,01 \cdot 10^{-9}$  и для  $\alpha 3$ - $\beta 5$   $k_{aa} = 0,11 \cdot 10^{-9}$  на сайт в год, что позволяет установить следующую закономерность:  $k_{aa} \text{ Switch 2} < k_{aa} \alpha 3$ - $\beta 5 = k_{aa} \text{ Switch 1}$ . Для круглых червей характерна аналогичная закономерность. Для моллюсков  $k_{aa}$  для Switch 1 составила  $0,13 \cdot 10^{-9}$ , для Switch 2 и  $\alpha 3$ - $\beta 5$   $k_{aa} = 0$ , что позволяет установить иную закономерность, общую с ракообразными:  $k_{aa} \text{ Switch 2} = k_{aa} \alpha 3$ - $\beta 5 < k_{aa} \text{ Switch 1}$ .

На основании полученных данных можно сделать следующие выводы: 1) скорость эволюционных замен аминокислот сайтов связывания с аденилатциклазой  $\alpha$ -субъединиц S2 G<sub>s</sub>-белков беспозвоночных животных уменьшается в процессе эволюции; 2) Switch 2 участок является наиболее консервативным, а Switch 1 – наиболее изменчивым сайтом связывания с аденилатциклазой у всех беспозвоночных животных; 3) для плоских и круглых червей также характерна высокая степень изменчивости третьего сайта связывания с аденилатциклазой.