

# ОЦЕНКА ДАВЛЕНИЯ ОТБОРА НА ГЕН СЕЛЕНСОДЕРЖАЩЕЙ ГЛУТАТИОНПЕРОКСИДАЗЫ

*Искусных И.Ю.*

Воронежский государственный университет, г.Воронеж

*iskusnykh777@mail.ru*

*Используя методы сравнительной геномики была проведена оценка давления естественного отбора на ген Gpx1 после эволюционного расхождения человека и шимпанзе. Степень давления естественного отбора оценивали по отношению несинонимичных ( $d_N$ ) замен нуклеотидов к синонимичным ( $d_S$ ). Компьютерный анализ позволил установить, что отношение  $d_N/d_S$  имеет значение 0,001, которое намного меньше единицы. Таким образом, можно предположить, что отбор, влиявший на Gpx1, был стабилизирующим.*

Огромную роль в развитии технологии анализа генетической информации сыграло развитие компьютерной техники и вычислительных методов. В настоящее время биоинформатика занимает одно из ведущих мест в изучении биомолекулярных взаимодействий и эволюции генных семейств.

Глутатионпероксидаза важный компонент биохимической системы, синтезирующий и восстанавливающий низкомолекулярные тиолы. Имеются данные, что селенозависимая глутатионпероксидаза отсутствует у растений, бактерий, простейших, насекомых, но функционирует у всех видов рыб, червей, млекопитающих. Глутатионпероксидаза эволюционно молодой фермент, приобретение которого стало важным преимуществом для позвоночных. Поэтому, изучение факторов влияющих на эволюционную трансформацию гена селенсодержащей глутатионпероксидазы (Gpx1) вызывает несомненный интерес [1]. В связи с этим, мы провели оценку давления естественного отбора на ген селенсодержащей глутатионпероксидазы после эволюционного расхождения человека и шимпанзе с использованием методов сравнительной геномики. Нуклеотидные последовательности генов и аминокислотные последовательности их продуктов, а также последовательности соответствующих мРНК анализировали используя сервис UCSC Genome Browser, доступный на сайте <http://genome.ucsc.edu>. Множественные выравнивания последовательностей осуществляли с помощью программы CLUSTAL W. Степень давления отбора на ген Gpx1 оценивали с помощью программного обеспечения Pal2nal [2]. Непосредственно для оценки давления естественного отбора используется подсчет отношения несинонимичных замен нуклеотидов к синонимичным. Компьютерный анализ позволил установить, что значение  $d_N/d_S$  оказалось намного меньше единицы. Таким образом, можно предположить, что отбор, влиявший на Gpx1, был стабилизирующим.

## Литература

1. Muller F.L., Lustgarten M.S., Jang Y., Richardson A., Van Remmen H. // Trends in oxidative aging theories, Free Radic. Biol. Med. 2007. 43. P. 477–503.
2. Goldman, N. and Yang // Z. A codon-based model of nucleotide substitution for protein-coding DNA sequences, Molecular Biology and Evolution. 1994. 11. P.725-736