

Міністерство освіти та науки України
Сумський державний університет
Медичний інституту



АКТУАЛЬНІ ПИТАННЯ ТЕОРЕТИЧНОЇ ТА ПРАКТИЧНОЇ МЕДИЦИНИ

Topical Issues of Clinical and Theoretical
Medicine

Збірник тез доповідей
IV Міжнародної науково-практичної конференції
Студентів та молодих вчених
(Суми, 21-22 квітня 2016 року)

ТОМ 1

Суми
Сумський державний університет
2016

Вивчення властивостей нанокмпозитних гелів, потенційних замінників кісткової тканини людини, є важливим для подальшого вдосконалення методів синтезу гелів, їх використання в медицині, а також для більш детального розуміння функціонування рухового апарату та вимог до протезування.

АНАЛІЗ ГОМОЛОГІЇ Fc-РЕЦЕПТОРІВ FcRV І FcRA76 (ІЗ СТРЕПТОКОКІВ ГРУП G І A) ТА M-БІЛКА *STREPTOCOCCUS DYSGALACTIAE*

Смірнов О. Ю.

Сумський державний університет,

кафедра фізіології і патофізіології з курсом медичної біології

На поверхні багатьох грампозитивних бактерій розміщені білки, що зв'язують імуноглобуліни IgG. Відомі 5 типів Fc-рецепторів: білок А стафілокока (Fc-рецептор I типу), рецептори II типу синтезуються стрептококами групи А, III типу – стрептококами груп С і G, які вражають людину, IV типу – бичачими стрептококами групи G, і V типу – стрептококом *Streptococcus zooepidemicus*. Відомо, що Fc-рецептори II типу мають високий ступінь гомології з M-білками стрептококів у послідовностях сигнальних пептидів та C-кінців (включно з мембранним якорем), що розглядається як результат міжгенної рекомбінації між предковими генами.

Мета дослідження. Проаналізувати гомологію деяких Fc-рецепторів і M-білків стрептокока.

Матеріали та методи. Білок FcRV (GenBank: X62467.1) із штаму *Streptococcus* sp. Valente (група G), білок FcRA76 (GenBank: AAB95296.1) із *S. pyogenes* (група A), і M-білок (GenBank: BAO37542.1) із стрептокока *S. dysgalactiae* subsp. *equisimilis*, штами якого належать до груп С і G. Вирівнювання амінокислотних послідовностей проводили за допомогою програми Needleall у складі Jemboss 1.5.

Результати. Між послідовностями FcRV і M-білка – 59,0 % ідентичних амінокислот. Найбільший рівень гомології спостерігається в двох ділянках: 1) перші 58 амінокислот включно з сигнальним пептидом є ідентичними за виключенням 27-ї амінокислоти (серин у FcRV і схожий на нього треонін у M-білка), що складає 98,3 %; 2) останні 206 амінокислот (з 382-ї по 587-у в FcRV і з 298-ї по 503-у в M-білка), з яких 195 є ідентичними (94,7 %).

Між білками FcRV і FcRA76 – 40,2 % ідентичних амінокислот. Високий ступінь гомології спостерігається в 4-х ділянках: 1) сигнальний пептид: із 42 амінокислот – 33 однакових (78,6 %); 2) ділянка з 152-ї до 233-ї амінокислоти в білку FcRV і з 138-ї до 219-ї амінокислоти в білку FcRA76: із 82 амінокислот – 62 ідентичних (75,6 %); 3) Fc-рецепторна ділянка з 234-ї до 338-ї амінокислоти в FcRV і з 220-ї до 324-ї амінокислоти в FcRA76: із 105 амінокислот – 68 ідентичних (64,8 %); 4) C-кінцева ділянка: із 83 амінокислот – 55 ідентичних (66,3 %).

Між M-білком і FcRA76 – 34,8 % ідентичних амінокислот. Найбільший рівень гомології – в двох ділянках: 80,6 % в сигнальному пептиді і 59,0 % у C-кінці.

Висновки. Гомологічними для всіх білків є 2 ділянки – сигнальний пептид і C-кінець. Можна припустити, що FcRV і FcRA76 походять від спільної предкової форми, а потім в процесі еволюції з білка FcRV шляхом заміни центральної частини (скоріше за все, завдяки міжгенній рекомбінації) утворився досліджуваний M-білок.