

-----Краткое вводное слово-----

Белки (=протеины) построены из остатков аминокислот, последовательность которых задаётся нуклеотидной последовательностью соответствующих генов. В построении белка участвуют ровно 20 остатков аминокислот (мощность алфавита равна 20). Чрезвычайно редко встречается трансляционное включение минорных остатков аминокислот (например, селеноцистеина). Чаще минорные остатки возникают в результате посттрансляционных модификаций белковой молекулы. Секвенс белка часто (при косвенном секвенировании – всегда) не учитывает посттрансляционных модификаций и потому для записи первичной структуры обычно достаточно 20 условных символов (обозначений). Ниже приведён список всех двадцати кодируемых аминокислот, соответствующие для каждой из них общепринятые обозначения и кодовые слова (триплеты), кодирующие включение остатков этих аминокислот в белковую молекулу в процессе трансляции.

№ <small>В основном в порядке усложнения строения</small>	Русские название (тривиальные)	Трёхбуквенные обозначения		Однобуквенные обозначения (предпочтительнее)	Кодирующие триплеты универсального генетического словаря соответствия (матричная РНК, запись от 5' к 3' концу)
		Русск.	Англ.		
1	Глицин, гликокол	Гли	Gly	G	GGU, GGC, GGA, GGG
2	L-Аланин	Ала	Ala	A	GCU, GCC, GCA, GCG
3	L-Валин	Вал	Val	V	GUU, GUC, GUA, GUG
4	L-Изолейцин	Иле	Ile	I	AUU, AUC, AUA
5	L-Лейцин	Лей	Leu	L	UUA, UUG, CUU, CUC, CUA, CUG
6	L-Пролин	Про	Pro	P	CCU, CCC, CCA, CCG
7	L-Серин	Сер	Ser	S	UCU, UCC, UCA, UCG, AGU, AGC
8	L-Треонин	Тре	Thr	T	ACU, ACC, ACA, ACG
9	L-Цистеин	Цис	Cys	C	UGU, UGC
10	L-Метионин	Мет	Met	M	AUG
11	L-Аспарат	Асп	Asp	D	GAU, GAC
12	L-Аспарагин	Асн (Асп-NH ₂)	Asn	N	AAU, AAC
13	L-Глутамат	Глу	Glu	E	GAA, GAG
14	L-Глутамин	Глн (Глу-NH ₂)	Gln	Q	CAA, CAG
15	L-Лизин	Лиз	Lys	K	AAA, AAG
16	L-Аргинин	Арг	Arg	R	CGU, CGC, CGA, CGG, AGA, AGG
17	L-Гистидин	Гис	His	H	CAU, CAC
18	L-Фенилаланин	Фен	Phe	F	UUU, UUC
19	L-Тирозин	Тир	Tyr	Y	UAU, UAC
20	L-Триптофан	Трп (Три)	Trp	W	UGG

Секвенсы белков принято записывать слева направо от аминного к карбоксильному концу – в том же направлении, в каком синтезируется полипептидная цепь.

Белки, как и другие биополимеры, эволюционируют. Скорость эволюции зависит от функции, которую выполняет данный белок. Чем важнее функция белка и чем на более раннем этапе эволюции жизни этот белок возник, тем медленнее он изменяется. Анализируя секвенсы различных макромолекул для разных организмов и сопоставляя их, можно разрешить ряд проблем филогении, систематики и т. п.

Благодаря Интернету для всех желающих имеется возможность работать с этими древними текстами (а секвенсы – не что иное, как древнейшие тексты, написанные на самых древних языках из всех известных (четырёхсимвольный язык нуклеиновых кислот и двадцатисимвольный язык белков), и способные рассказать подробную историю жизни на Земле) для обширного числа систематических групп живых организмов. Желающие могут посетить, к примеру, этот ресурс: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov> Здесь можно набрать в поисковом окошке латинское название таксона, вида и т. п., выбрать категорию (окошко слева) и найти много всякой интересной «молекулярщины», относящейся к выбранной категории, затем можно использовать эти данные в каких-нибудь своих исследованиях. С этого сайта можно свободно скачать полностью отсекументированные хромосомы и даже геномы (например, знаменитой *Drosophila melanogaster* и даже *Homo sapiens*), посмотреть локализацию различных генов в хромосомах с различным разрешением последних (от мегабаз до полностью отсекументированной двунитевой ДНК) и многое другое. Если Вам всё понятно до этого места, тогда можно приступить. Если же текст изложен сложным и непонятным языком, а время и желание имеется, тогда рекомендую сначала познакомиться с основами молекулярной биологии или почитать главы, посвящённые аминокислотам, белкам и нуклеиновым кислотам в каком-нибудь учебнике биохимии. Хочу отметить, что базы данных постоянно пополняются новым. Например, в апреле 2007 года на запрос «Dytiscinae» выдавались только несколько ссылок всего для трёх видов – *Acilius sulcatus*, *Acilius canaliculatus* и *Cybister lateralimarginalis*. В ноябре 2008 года я снова посетил эти ресурсы и поразился тому, как пополнилась база данных. На тот же запрос я получил внушительный список ссылок на двух десятках страниц для большого числа видов. Меня мигом посетила мысль: а почему бы не попытаться сопоставить секвенсы нескольких гомологичных протеинов разных видов?! Это я и сделал. Занятие было довольно увлекательным, а в итоге получилось довольно красиво (см. ниже). Подборка видов произвольная. Просто мне интересно было сравнить секвенсы белков таких супердалёких «родственников», как человек, бактерия и мои любимые плавунцы. Приведённая в моей работе схема основана на доступных во время подготовки этой работы данных. Поэтому это только первоначальный вариант. Интересно будет посмотреть, как изменится схема и выводы при учёте других данных. Хочу ещё добавить, что эта работа совершенно независима – мне не известны выводы других исследователей, работавших с этим материалом до меня. Однако, интересуюсь «проблемами плавунцов на молекулярном уровне», я узнал о существовании работы «Miller, K.B.; Bergsten, J.; Whiting, M.F.: Phylogeny and classification of diving beetles in the tribe Cybistrini (Coleoptera, Dytiscidae, Dytiscinae). Zoologica Scripta, 36, 1, January 2007, pp 41–59.», (в электронном виде (PDF, 1,23MB) эту работу можно свободно скачать, к примеру, здесь http://www.kellymillerlab.com/pdf/34_Cybistrini_2006.pdf).

Руководствуясь молекулярными данными и морфологией, авторы построили кладограмму до уровня видов, которая включает 33 вида трибы *Cybistrini*. Результатом работы явились также некоторые изменения в систематике (на уровне подродов). Еще большему кругу должна быть интересна эта вебстраница <http://www.elementy.ru/news/430653>, на которой размещена построенная на основе молекулярных данных филогенетическая схема всего отряда *Coleoptera* до уровня подсемейств.

Что же касается моей размещённой ниже скромненькой работы (с позволения будет так назвать) – я не считаю, что эта работа может иметь какую-то научную ценность, но полагаю, что благодаря наглядности, она должна быть интересна всем, кто интересуется биологией. Мне кажется, что некоторые пункты этой работы могут быть использованы в качестве неплохих наглядных аргументов при изучении эволюции на уроках биологии в школе (а что, эти иллюстрации можно понять даже не имея специальных знаний химии, генетики и т. п.). Кстати, показывал эту статейку людям совершенно далёким от этого всего – говорят, что интересно, прикольно, и выглядит красиво. Показывал и серьёзным спецам – говорят, что принцип правильный, выводы непротиворечивы, но это не ново, с чем я, собственно, и не спорю.☺ Спецы, как известно, любят, чтобы были ещё и какие-нибудь математические расчеты, на отсутствие которых мне деликатно намекнули.☺ Но на самом деле, я думаю, что эта работа имеет познавательный характер и не настолько уж серьёзна, чтобы здесь ещё что-то рассчитывать.☺

Красным – участки идентичности;

Белым – участки замен;

Чёрным – участки, которые нельзя сравнить ввиду того, что статус расшифровки разных белков не одинаков;

Синим – участки различий, вызванные мутациями со сдвигом рамки считывания или другими причинами.

1). Сравнительный анализ секвенсов субъединиц 1 цитохромоксидазы С митохондрий некоторых плавунцов рода *Dytiscus*

Protein: >tr|A1Y0T6|A1Y0T6_9DYTI Cytochrome c oxidase subunit I (Fragment) OS=Dytiscus marginalis GN=COI PE=3 SV=1
 LMLGAPDMAFPRMNMNSFWLLPSSLTLLLMSMVEGAGTGWTVYPLLSASIAHGGASVDLAIIFSLHLAGVSSILGAVNFITTIINMRVSGMTLDRMPLFVWVSVGITALLLLSLPVLGAIIT
 MLLTDRNLNTSFFDPAGGGDPILYQHLFWFFGHPEVYIILP **GFGMISHIISQESGKKETFGSLGMIYAMLAIGLLGFVVAHHMFTV** **GMDVDTRAYFTSATMII**AVPTGIK FSWLATLHGSQI
 SYSPLLWALGFVFLFTVGGLTG **VLANSSIDIILHDTYYVVAHFHYVLSMGAVFAILAGFIQWFPLFTGLTLNSNLLKIQFVVMF** **GVNLTFFPQHFLGLSGMPRRYSYDPDAYTSWNV**VSSI
 GSTISFIGV **MLLIYIWEAFISQRLVIFSNQMPTSIEWFQ****SHP**PAEHSYSELPLMSNFK

Protein: >tr|Q6UKG5|Q6UKG5_9DYTI Cytochrome c oxidase subunit I (Fragment) OS=Dytiscus circumcinctus GN=CO1 PE=3 SV=1
 IAVPTGIK FSWLATLHGSQISYSPSLLWALGFVFLFTVGGLTG **VLANSSIDIILHDTYYVVAHFHYVLSMGAVFAILAGFIQWFPLFTGLTLNSNLLKIQFVVMF** **GVNLTFFPQHFLGLSGMP**
RRYSYDPDAYTSWNVVSSIGSTISFIGV **MLLIYIWEAFISQRLVIFSNQMPTSIEWFQ****PTLQ** Делеция нуклеотида (пары) mRNA: 5[CAPu][.CC][CAC][CCU][CCA][GC?]'3'→ 5[CAPu][CCC][ACC][CUC][CAG]'3'

Protein: >tr|B4X9X4|B4X9X4_9DYTI Cytochrome oxidase subunit I (Fragment) OS=Dytiscus latissimus GN=COI PE=4 SV=1
 MISHIISQESGKKETFGSLGMIYAMLAIGLLGFVVAHHMFTV **GMDVDTRAYFTSATMII**AVPTGIK FSWLATLHGSQISYSPSLLWALGFVFLFTVGGLTG **VLANSSIDIILHDTYYVVAHF**
 HYVLSMGAVFAILAGFIQWFPLFTGLTLNSNLLKIQFVVMF **GVNLTFFPQHFLGLSGMPRRYSYDPDAYTSWNV**VSSIGSTISFIGV **MLLIYIWEAFISQRLVIFSNQMPTSIEWFQ****SHP**PAE

Protein: >tr|Q6YJN8|Q6YJN8_9DYTI Cytochrome c oxidase subunit I (Fragment) OS=Dytiscus thianschanicus GN=COI PE=3 SV=1
 GFGMISHIISQESGKKETFGSLGMIYAMLAIGLLGFVVAHHMFTV **GMDVDTRAYFTSATMII**AVPTGIK FSWLATLHGSQISYSPSLLWALGFVFLFTVGGLTG **VLANSSIDIILHDTYYVVAHF**
 AHFYVLSMGAVFAILAGFIQWFPLFTGLTLNSNLLKIQFVVMF **GVNLTFFPQHFLGLSGMPRRYSYDPDAYTSWNV**VSSIGSTISFIGV **MLLIYIWEAFISQRLVIFSNQMPTSIEWFQ****SHP**
 PAE

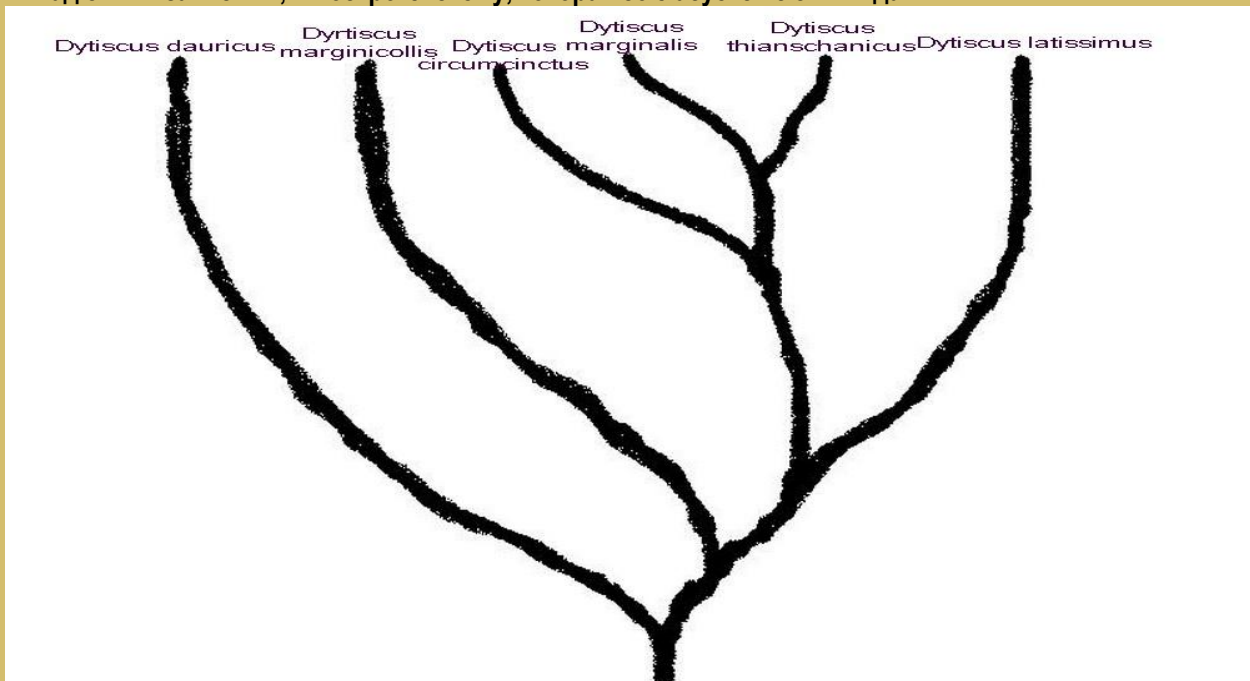
Protein: >tr|Q6YJN9|Q6YJN9_9DYTI Cytochrome c oxidase subunit I (Fragment) OS=Dytiscus dauricus GN=COI PE=3 SV=1
 GFGMISHIISQESGKKETFGSLGMIYAMLAIGLLGFVVAHHMFTV **GMDVDTRAYFTSATMII**AVPTGIK FSWLATLHGSQISYSPSLLWALGFVFLFTVGGLTG **VLANSSIDIILHDTYYVVAHF**
 AHFYVLSMGAVFAILAGFIQWFPLFTGLTLNSNLLKIQFVVMF **GVNLTFFPQHFLGLSGMPRRYSYDPDAYTSWNV**VSSIGSTISFIGV **MLLIYIWEAFISQRLVIFSNQMPTSIEWFQ****SHP**
 PAE Транзиция mRNA: 5[CAPu][UCC][CAC][CCU][CCA][GC?][G.Pu]3'→5[CAPu][UCC][CAC][CCU][CCA][GC?][GC?]'3'

Protein: >tr|B4DD64|B4DD64_9DYTI Cytochrome oxidase subunit I (Fragment) OS=Dytiscus marginicollis GN=COI PE=4 SV=1
 MISHIISQESGKKETFGSLGMIYAMLAIGLLGFVVAHHMFTV **RMDVDTRAYFTSATMII**AVPTGIK FSWLATLHGSQISYSPSLLWALGFVFLFTVGGLTG **VLANSSIDIILHDTYYVVAHF**
 HYVLSMGAVFAILAGFIQWFPLFTGLTLNSNLLKIQFVVMF **GVNLTFFPQHFLGLSGMPRRYSYDPDAYTSWNV**VSSIGSTISFIGV **MLLIYIWEAFISQRLVIFSNQMPTSIEWFQ****AHP**PAE
 Трансверсия mRNA: 5[CAPu][.CC][CAC][CCU][CCA][GC?]'3'→5[CAPu][.CC][CAC][CCU][CCA][GC?]'3'

Мною были выявлены отличия по 9 позициям из 250 сопоставленных. После сокращения участков идентичности, получаются вот такие коротенькие записи:

Dytiscus dimidiatus	Нет данных
Dytiscus circumflexus	Нет данных
Dytiscus lapponicus	Нет данных
Dytiscus marginalis	GAVIVIVSE
Dytiscus circumcinctus	?AVIVIV (PTLQ)
Dytiscus latissimus	GAVIVVVSE
Dytiscus dauricus	GGGIVVLSG
Dytiscus thianschanicus	GAVIVIVSE
Dytiscus marginicollis	RAVFMVVAE

Размышляя над этими записями, я построил схему, которая согласуется с этими данными.



Эта схема основана сугубо на анализе секвенсов субъединиц 1 цитохромоксидазы С без принятия во внимание морфологии, зоогеографии и т. п. Эта схема МОЖЕТ в некоторой степени отражать филогенетические взаимосвязи между отдельными видами. Я делаю акцент на слове МОЖЕТ, потому что я не утверждаю, что так оно и есть. Наоборот, интересно посмотреть как изменится эта схема при привлечении новых данных. Однако на основе сравнения секвенсов субъединиц 1 цитохромоксидазы С можно предположить, что виды *Dytiscus circumcinctus* и *Dytiscus latissimus* могут быть более близки, чем виды *Dytiscus circumcinctus* и *Dytiscus dauricus*, морфологическое сходство между которыми значительно. Насколько мне известно, такое иногда бывает. Таким образом, результат анализа вступает в конфликт с имевшим место ранее фактом разделения рода *Dytiscus* на два подрода – *Dytiscus* и *Macrodytes*. Но ещё раз подчеркну, что материала, с которым я работал, недостаточно для каких-либо серьёзных заявлений. Поэтому схема и выводы по этому пункту – это так, не серьёзно, просто для наглядности и демонстрации принципа. Ещё можно добавить, что современные исследования в этой области немыслимы без сложных вычислений при помощи специальных компьютерных программ.

2). Сравнение секвенсов гистонов H3 некоторых плавунцов

Protein: >tr|B4XA81|B4XA81_ACISL Histone H3 (Fragment) OS=Acilius sulcatus PE=4 SV=1
 STGGKAPRKQLATKAARKSAPATGGVKKPHRYRPGTVALREIRRYQKSTELLIRKLPFQRLVREIAQDFKTDLRFQSSAVMALQEASEAYLVGLFEDTNLCA
 Protein: >tr|C0MQ84|C0MQ84_9DYTI Histone3 (Fragment) OS=Dytiscus dimidiatus GN=h3 PE=4 SV=1. Sequence length: 107 AA
 KSTGGKAPRKQLATKAARKSAPATGGVKKPHRYRPGTVALREIRRYQKSTELLIRKLPFQRLVREIAQDFKTDLRFQSSAVMALQEASEAYLVGLFEDTNLCAIHA
 Protein: >tr|A1Y102|A1Y102_9DYTI Histone H3 (Fragment) OS=Dytiscus marginalis GN=H3 PE=3 SV=1
 RKSTGGKAPRKQLATKAARKSAPATGGVKKPHRYRPGTVALREIRRYQKSTELLIRKLPFQRLVREIAQDFKTDLRFQSSAVMALQEASEAYLVGLFEDTNLCAIHA
 Protein: >tr|B4XA87|B4XA87_9DYTI Histone H3 (Fragment) OS=Dytiscus latissimus PE=4 SV=1
 STGGKAPRKQLATKAARKSAPATGGVKKPHRYRPGTVALREIRRYQKSTELLIRKLPFQRLVREIAQDFKTDLRFQSSAVMALQEASEAYLVGLFEDTNLCA
 Protein: >tr|B4XA86|B4XA86_9DYTI Histone H3 (Fragment) OS=Dytiscus dauricus PE=4 SV=1
 GGKVP RKQLATKAARKSAPATGGVKKPHRYRPGTVALREIRRYQKSTELLIRKLPFQRLVREIAQDFKTDLRFQSSAVMALQ Транзиция mRNA: 5'[G?]3'→5'[G?]3'

Protein: >tr|B4XA88|B4XA88_9DYTI Histone H3 (Fragment) OS=Dytiscus marginicollis PE=4 SV=1
 STGGKAPRKQLATKAARKSAPATGGVKKPHRYRPGTVALREIRRYQKSTELLIRKLPFQRLVREIAQDFKTDLRFQSSAVMALQEASEAYLVGLFEDTNLCA
 Protein: >tr|A1Y103|A1Y103_9DYTI Histone H3 (Fragment) OS=Dytiscus verticalis GN=H3 PE=3 SV=1
 RKSTGGKAPRKQLATKAARKSAPATGGVKKPHRYRPGTVALREIRRYQKSTELLIRKLPFQRLVREIAQDFKTDLRFQSSAVMALQEASEAYLVGLFEDTNLCAIHA
 Выводы по пункту 2). Наличие одной замены в структуре гистона H3 плавунца *Dytiscus dauricus* только подтверждает гипотезу о ранней дивергенции ствола *Dytiscus* на 2 ветви, одна из которых привела к *Dytiscus latissimus*, *Dytiscus marginalis*, *Dytiscus circumcinctus*, *Dytiscus thianschanicus*, *Dytiscus latissimus* и др., а другая – к виду *Dytiscus dauricus* и, возможно, каким-нибудь другим.

3). Сравнение секвенсов гистонов H3 человека и плавунца окаймлённого

Protein: >sp|P84243|H33_HUMAN Histone H3.3 OS=Homo sapiens GN=H3F3A PE=1 SV=2
 MARTKQTARKSTGGKAPRKQLATKAARKSAPATGGVKKPHRYRPGTVALREIRRYQKSTELLIRKLPFQRLVREIAQDFKTDLRFQSSAVMALQEASEAYLVGLFEDTNLCAIHA
 KDIQLARRIRGERA
 Protein: >tr|A1Y102|A1Y102_9DYTI Histone H3 (Fragment) OS=Dytiscus marginalis GN=H3 PE=3 SV=1
 RKSTGGKAPRKQLATKAARKSAPATGGVKKPHRYRPGTVALREIRRYQKSTELLIRKLPFQRLVREIAQDFKTDLRFQSSAVMALQEASEAYLVGLFEDTNLCAIHA

Выводы по пункту 3). Как видим, в молекулах гистонов H3 даже таких далёких «родственников», как *Homo sapiens* и *Dytiscus marginalis* (со времён дивергенции прошло около миллиарда лет (ну, или чуть меньше)) произошли замены только по 4 позициям из 109 сопоставленных. Таким образом, сравнение секвенсов гистонов H3 Человека разумного и плавунца окаймлённого показало высочайшую консервативность в эволюционном плане этого белка ввиду его исключительной важности для компактизации ДНК в ядре эукариот. Это подчёркивает значимость замены (пусть и единственной) в молекуле гистона H3 *Dytiscus dauricus* (см. пункт 2).).

4). Сравнение секвенсов протеина Wnt некоторых плавунцов

Protein: >tr|Q8T740|Q8T740_ACISL Protein Wnt (Fragment) OS=Acilius sulcatus GN=Wnt1 PE=3 SV=1
 CTWKTCWMRLPSFRVIGDNLKDRFDGASRVMVSNAGSQRGGNSAHSNTANSNSHLANSIHGCHNLSERSIGRRKHKHYGFQLKPYNPEHKPPGSKDLVYLEPSPGFCEKNPKLGIEGT
 HGRCLNDTSIGVDGCDLMCCGRGFRTEIVVVERCA
 Protein: >tr|C0MQ01|C0MQ01_9DYTI Wingless (Fragment) OS=Dytiscus dimidiatus GN=wng PE=4 SV=1. Sequence length: 117 AA
 LKDRFDGASRVMVSNAGSQRGGNSAHSNTANSNSHLANSIHGCHNLSERSIGRRKHKHYGFQLKPYNPEHKPPGSKDLVYLEPSPGFCEKNPKLGIEGTHGRCLNDSSIGVDGCDLM
 Protein: >tr|A1Y0X0|A1Y0X0_9DYTI Protein Wnt (Fragment) OS=Dytiscus marginalis GN=wnt PE=3 SV=1
 KTCWMRLPSFRVIGDHLKDRFDGASRVMVSNAGSQRGGNSAHSNTANSNSHLANSIHGCHNLSERSIGRRKHKHYGFQLKPYNPEHKPPGSKDLVYLEPSPGFCEKNPKLGIEGTHGR
 LCNDSSIGVDGCDLMCCGRGFRTEIVVVERCA
 Protein: >tr|Q8T729|Q8T729_9DYTI Protein Wnt (Fragment) OS=Dytiscus fasciventris GN=Wnt1 PE=3 SV=1
 CTWKTCWMRLPSFRVIGDHLKDRFDGASRVMVSNAGSQRGGNSAHSNTANSNSHLANSIHGCHNLSERSIGRRKHKHYGFQLKPYNPEHKPPGSKDLVYLEPSPGFCEKNPKLGIEGTH
 GRCLNDSSIGVDGCDLMCCGRGFRTEIVVVERCA

Выводы по пункту 4). Различия в первичных структурах протеинов Wnt чётко согласуются с фактом отнесения видов *Acilius sulcatus* и *Dytiscus* sp. к разным родам. Вот уж, всегда приятно, когда прогнозируемое совпадает с действительным! Стоит заметить, что здесь сопоставлены фрагменты протеинов Wnt географически изолированных видов – североамериканского *Dytiscus fasciventris* и евро-азиатского *Dytiscus marginalis*. Хотя по недостоверной информации из Интернета, *Dytiscus marginalis* встречается также и в Сев. Америке.

29.11.2009г добавлен секвенс протеина wng *Dytiscus dimidiatus*, рассмотрение которого также не привело к противоречиям.

5). Сравнение секвенсов субъединиц 1 цитохромоксидазы митохондрий человека и плавунца окаймлённого

Protein: >tr|A1Y0T6|A1Y0T6_9DYTI Cytochrome c oxidase subunit 1 (Fragment) OS=Dytiscus marginalis GN=COI PE=3 SV=1
LMLGAPDMAFPRMNNMSFWLLPPLSLTLLLMSSMVESGAGTGWVYVPLSASIAHGASVDLAIIFSLHLAGVSSILGAVNFITTIINMRVSGMTLDRMLPLFVWSVGITALLLSLPLVLAGAIT
MLLTDRLNLTSSFFDPAGGGDPILYQHLFWFFGHPEVYIILPFGFMISHISQESGKKETFGLGMVYAMLAIGLLGFVVVAHMHMFTVGMVDVTRAYFTSATMIAVPTGKFSWLATLHGSQI
SYSPSLLWALGFVFLFTVGGTLGVLANSSDILHDTYVVAHFHYVLSMGAVFAIAGFIQWFLPTGLTLNSLLKIQFVVMFIGVNLTFPPQHFLGLSGMPPRRYSYDYPDAYTWSNVVSSI
GSTISFIGVMLLIYIWEAFISQRLVFSNQMPSTSEWFQSHPPAEHSYSELPMLSNFK

Protein: >sp|P00395|COX1_HUMAN Cytochrome c oxidase subunit 1 OS=Homo sapiens GN=MT-CO1 PE=1 SV=1
MFADRWLFSTNHKDIGTLYLLFGAWAGVLTALSLIRAEGLQPGNLLGNDHIYVIVTAHAFVMIFFMVMPIIMGGFGNWLVPMLGAPDMAFPRMNNMSFWLLPPLSLTLLLSAMVEAGA
GTGWVYVPLAGNYSHPGASVDLITFSLHLAGVSSILGAVNFITTIINMKPPAMTQYQTPLVVSVLITAVLLLSLPLVLAGITMLLTDRLNLTFFDPAGGGDPILYQHLFWFFGHPEVYIIL
PGFGMISHIVTYYSKGKPEFGYMGVWAMMSIGFLGVVAHMHMFTVGMVDVTRAYFTSATMIAIPTAVKVFSLWATLHGSNMKWSAAVLWALGFVFLFTVGGTLGIVLANSSDILVHDT
YVVAHFHYVLSMGAVFAIMCGFIHWFPLFSGYLDQTYAKIHFTIMFIGVNLTFPPQHFLGLSGMPPRRYSYDYPDAYTWNILSSVGSFISLTAVMMLFMWEAFASKRKLVMVEEPSMNL
WLYGCPPPYHTFEFPVYMK

Выводы по пункту 5). Этот пункт ещё раз (см. также пункт 3.) отражает то, как много сходства на молекулярном уровне между такими далёкими «родственниками», как Человек разумный и плавунец окаймлённый.

Поразительно, как много общего между нами и жуками, которых мы изучаем! 😊

(адресовано колеоптерологам и любителям жуков).

6). Сравнение секвенсов субъединиц 1 цитохромоксидазы С сенной палочки и митохондрий человека

Protein: >tr|A0S183|A0S183_HUMAN Cytochrome c oxidase subunit 1 OS=Homo sapiens GN=COX1 PE=3 SV=1
MFADRWLFSTNHKDIGTLYLLFGAWAGVLTALSLIRAEGLQPGNLLGNDHIYVIVTAHAFVMIFFMVMPIIMGGFGNWLVPMLGAPDMAFPRMNNMSFWLLPPLSLTLLLSAMVEAGA
GTGWVYVPLAGNYSHPGASVDLITFSLHLAGVSSILGAVNFITTIINMKPPAMTQYQTPLVVSVLITAVLLLSLPLVLAGITMLLTDRLNLTFFDPAGGGDPILYQHLFWFFGHPEVYIIL
PGFGMISHIVTYYSKGKPEFGYMGVWAMMSIGFLGVVAHMHMFTVGMVDVTRAYFTSATMIAIPTAVKVFSLWATLHGSNMKWSAAVLWALGFVFLFTVGGTLGIVLANSSDILVHDT
YVVAHFHYVLSMGAVFAIMCGFIHWFPLFSGYLDQTYAKIHFTIMFIGVNLTFPPQHFLGLSGMPPRRYSYDYPDAYTWNILSSVGSFISLTAVMMLFMWEAFASKRKLVMVEEPSMNL
EWLYGCPPPYHTFEFPVYMK

Protein: >sp|P24010|COX1_BACSU Cytochrome c oxidase subunit 1 OS=Bacillus subtilis GN=ctaD PE=3 SV=2
MLNALTEKRTRGSMLWDYLTVDHKKIALYLVAGFFFLVGGIEAMFIRIQLAKPENAFLSAQAYNEVMTMHGTTMIFLAAMPPLLFALMNAVPLQIGARDVSFPFLNALGFWLFVFFGHIFLN
LSWFLGGAPDAGWTSYASLSLHSHK)CHGIDFFVLGLQISGLGTLAGINFLATIINMRAPCMTYMRLPLFTWTTFFVASALLLFAFPPLTVGLALMMLDRLFCNTFFNPELGGNTVIWEHLFWF
GHPEVYIILPFGMIFSEVIPVFAKRLFGYSSMVAIVLIGFLGMVWVHMHMFTGLGPIANAFVAVTMAIAIPTGKIFNWLTLWIGNVKYTTAMLYAVSFPVFLGGVTVVMAAAAA
YQFHDTYFVAHFHYVIGGVVFGLLAGVHFWPKMFGKILHETMGKISFVLFFIGFHLTFPPQHFLGLSGMPPRRYSYDYPDAYTWNILSSVGSFISLTAVMMLFMWEAFASKRKLVMVEEPSMNL
PWHDRGLEWTVSSPPPEYNFKQLPFVRLDPLWIEKQAGHKSMTPAEPVDDIHPNGSILPLIISFGLFVAAGLLYRSDYAWGLPVIFIGLGITFITMLLRSVIDDHGYHINKEELPNDKDG
VKA

Выводы по пункту 6). Результат сопоставления интересен тем, что в первичных структурах протеинов даже таких максимально далёких «родственников», как Человек разумный и бактерия Bacillus subtilis, очень много общего. Самое (если не единственное) рациональное объяснение тому – единство происхождения всех живых организмов на Земле! Чем не образцовая иллюстрация для какого-нибудь учебника биологии?!

P. S. Вообще, работают чаще всего с секвенсами ДНК. Я же здесь «забавлялся» с секвенсами белков. Просто мне так захотелось, да и выглядит с белками более наглядно (в ДНК много дополнительных мутаций, накапливающихся, но не влияющих на структуру белкового продукта). Вот пример гена и его белкового продукта:

Вот ген (ДНК, смысловая цепь, запись от 5' к 3' концу):

Gene: LOCUS FN256343 1092 bp DNA linear INV 13-MAR-2009. DEFINITION Dytiscus dimidiatus partial ef1a gene for elongation factor 1 alpha, isolate MB 244.

Species: Dytiscus dimidiatus; Extraction: MB 244; Locality: Germany (Brandenburg); Collector: Hendrich; Date: 08.2002.

```
CGTGGTATCACCATTGATATGCTCTGTGGAAGTTCGAAACTGCCAAATACTACGTTACCATCATGATGCCCTGGACACAGAGATTTCATCAAGAACATGATCACTGGTACATCTCAAGCTGATTGTGCCCTACTGATTGTTGCTGGTGGTA
CTGGTGAATTTGAAGCCGGTATCTCCAAGAACGGCCAGACCCGCTGAGCACGCTCTGCTGCTTCCACCTTGGTGTAAGCAGCTCATCGTCCGTTGTTAAACAAGATGGACTCCACTGAGCCCCATACAGCGAGTCTCGTTTCGAGGAATCAA
GAAGGAAGTATCCTCATAACATCAAGAAGATTGGTTACAACCTGCTGCCGCTCTTCCGATCCCAATTTCTGGATGGCAGCGGTGATAACATGTTGGAATCTTCGACAAAAATGCCATGGTCAAGGATGGGCTGTCGAACGCAAGAGGGCAAA
GCTGACGGCAAGTGTCTCATTGAGGCTCTGATGCCATCTTCCCCACTCTGCTCCAACTGAGAAACCCCTTCCGCTCCCACTCCAGGTAATCTACAAAAATGGAGGTATGGAGCAGTACAGCTCGGTCGTTGAACTGGTGTGTTGAAAC
CCGGTATGGTGTGTTGATTCGCAACAGCTGGTTTGAACACTGAAGTTAAGTCCGTGGAAATGCACCAGAACTCTCCAGGAAGCCGTACCCGGAGACAATGTTGTTTCAACGTCGAAGACGATCCGTTAAGGAATTGCGTCGTTGGCTACGT
AGCTGTGACTCCAAGGCTAGCCCAAGGAGGCTGCGCCGATTTCCAGCCCAAGTCACTGCTCAATCAACCTGGCCAGATCAGCAACGGATACACTCCCGTCTTGTGTTGTCACAGCCCATATTCGCTGCAAGTTCGCCGAGATCAAA
GAGAAGTCCGATCCCGTACCCGCAAGACCAGTACGGAGAACCCCAAGGCCATCAAGTCTGGTGTGCTGCTCACTTGGTGCCAAAGCAACCCATGTCGTTGAGGCTTCCAGGAGTTCACACTCTGGGACGTTTCGCCCTCCGTC
ACATGAGACAAACC
```

А вот белковый продукт этого гена (косвенное секвенирование):

```
/translation="RGITTDIALWKFETAKYVYTIIDAPGHRDFIKNMITGTSQADCAVLIVAAGTGEFEAGISKNGQTRHALLAFTLGVKQLIVGVNMDSTPEPPYSESRFEEIKKEVSSYIKKIGYNPAVAVFVPSGWHGDNMLESDDKMPFQWAVEKEGKADGKCLIEALDAILPSS
RPTKPLRLPLQVLYIKGGIGTVVGRVETGVLKPGMVFVAPAGLTTEVKSVMHHEALQEAVPDGNVGNVKNVSKELRRRYVAGDSKASPPRGAADFTAQVIVLNHPGQISNGYTPVLDCHTAHIAKFAEIKKCDRRTGKTTENPKAIKSGDAIVNLVPSKPMCVFAEQEFPPLGRF
AVRDMRQT"
```

Для изучения гена и белкового продукта этого гена характерны свои особенности. Более информативной принято считать нуклеиновую кислоту (ген), да и секвенировать её сейчас проще и быстрее. Но можно гораздо больше «вытянуть», изучая не только сами гены, но и продукты этих генов.

*Работа основана на данных, взятых с сайтов <http://www.uniprot.org>

<http://www.expasy.org>

Работу подготовил А. В. Шелег, ноябрь 2008г.

Последний раз немного подредактировано 29.11.2009г.

Отзывы и замечания можно слать на адрес Ar-kurkumen@mail.ru