

АНОТАЦІЯ

Молекулярно-біологічними та біоінформатичними методами проаналізовано вторинну структуру С-кінцевого домену білка N-STOP. У роботі індукували в клітинах *E. coli* штаму BL21 експресію рекомбінантного гену, що кодує С-кінцевий домен, після чого виділяли та очищували за допомогою афінного зв'язування з Ni-NTA агарозою цільовий білок з клітинного лізату. Вторинну структуру очищеного білка проаналізували за допомогою колового дихроїзму, після чого результати спектроскопії обробили алгоритмом «BeStSel» та візуалізували результати. Також передбачили невпорядкованість регіонів білка за допомогою веб-інструменту «PrDOS». Встановлено, що у вторинній структурі С-кінцевого домену переважають антипаралельні β -складчатості (45,1%), β -повороти (10,3%) та інші структури, такі як 3_{10} спіралі, π -спіралі, β -містки, згини, петлі, невидимі та неструктуровані ділянки (41,3%). Передбачено, що С-кінцевий домен білка N-STOP має два впорядковані регіони, що розташовані поодаль один від одного. Отримані результати є підґрунтям для подальшого дослідження функціональної ролі С-кінцевого домену білка N-STOP у стабілізації нейрональних мікротрубочок.

Кваліфікаційна робота викладена на 46 сторінках, ілюстрована 1 таблицею, 3 рисунками, 4 електрофорограмами та 4 графіками. Список використаних джерел включає 47 робіт.

Ключові слова: нейрональні мікротрубочки, асоційований з мікротрубочками блок 6, С-кінцевий домен, коловий дихроїзм.