# Синдром длинного интервала QT (Long QT Syndrome)

- Гены:
  - o **KCNQ1** (LQT1, OMIM: 607542)
  - o KCNH2 (LQT2, OMIM: 152427)
- Описание: Нарушение сердечного ритма, риск внезапной смерти.
- OMIM: #192500

#### 1. Фенотип и его описание

Синдром длинного интервала QT — выявляемое на ЭКГ удлинение интервала QT (сердце слишком долго «перезаряжается»). Может приводить к смертельно опасным желудочковым аритмиям и внезапной сердечной смерти как у лиц с наличием структурной патологии сердца, так и с её отсутствием.

Ссылка на OMIM: <u>#192500</u>

## 2. Гены, ассоциированные с LQTS:

- 1. KCNQ1 (LQT1)
  - Функция: Кодирует альфа-субъединицу калиевого канала *IKs*.
  - NCBI Gene: <a href="https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/3784">https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/3784</a>
  - OMIM: <u>607542</u>
- 2. KCNH2 (LQT2)
  - Функция: Кодирует альфа-субъединицу калиевого канала *IKr*.
  - NCBI Gene: <a href="https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/3757">https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/3757</a>
  - OMIM: 152427

#### 3. Последовательности генов

#### Человек:

- o KCNQ1:
  - FASTA: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NM\_000218.3
- o KCNH2:
  - FASTA: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NM\_000238.4

## Модельный организм (Мышь):

- o Kenq1:
  - FASTA: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NM\_008434.3
- o Kcnh2:
  - FASTA: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NM\_013569.2

## Оценка значений Score для каждого гена

# Ген KCNQ1

- Глобальное выравнивание: Score=13941.5
- Локальное выравнивание: Score=14016

### Ген KCNH2

- Глобальное выравнивание: Score=23276.5
- Локальное выравнивание: Score=23340.5

### Вывод:

- Во всех случаях локальное выравнивание дало немного более высокие оценки, что ожидаемо: алгоритм Smith-Waterman оптимизирует совпадения в наиболее схожем фрагменте.
- Малое различие между глобальным и локальным выравниванием говорит о том, что сравниваемые последовательности очень похожи по всей длине, а не только частично.
- Таким образом, можно сделать вывод, что последовательности обоих генов высоко гомологичны, и в контексте биоинформатического анализа оба типа выравнивания подтверждают схожесть. Если необходимо выбрать лучшее выравнивание, локальное можно считать чуть более точным, особенно для выявления наиболее консервативных регионов.