



## ANÁLISIS IN SILICO DE LA PROTEÍNA JANUS QUINASA 2 (JAK 2) EN MAMÍFEROS

José Eduardo Pineda Crisóstomo<sup>1</sup>, Yazmin Hernández Díaz<sup>1</sup>, Candelario Rodríguez Pérez<sup>1</sup>, Zuleyma Zamora Solis<sup>1</sup> y Juan Carlos Martínez Juárez<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Universidad Juárez Autónoma De Tabasco-UJAT. 142s1078@alumno.ujat.mx

La proteína Janus Quinasa 2, perteneciente a la familia de las proteínas quinasas, participa en procesos como la diferenciación celular y crecimiento celular, así mismo, se encuentra involucrada en múltiples procesos de transducción de señales.

Se realizó análisis *in silico* de la secuencia aminoácidica de la proteína JAK2, utilizando herramientas bioinformáticas. Utilizando la herramienta ProtParam del Expasy se obtuvieron los parámetros bioquímicos básicos como el peso molecular de la proteína, de la misma forma haciendo uso de la herramienta GOR IV se obtuvo la predicción de la estructura secundaria, así mismo empleando el software SWISSMODEL se realizó la predicción de la estructura terciaria de dicha proteína. Posteriormente se realizó un alineamiento en el software BLAST para la identificación del porcentaje de similitud y un alineamiento en CLUSTAL para la obtención de un árbol filogenético.

Tras la implementación de las herramientas bioinformáticas podemos determinar que la estructura primaria de la proteína cuenta con la cantidad de 1132 aa (aminoácidos), esta proteína cuenta con un Índice de inestabilidad de 47.7, lo que la clasifica como una proteína inestable.

La proteína se encuentra más conservada en las especies de primates que en las de los roedores o cerdos. Así mismo con el dendograma proporcionado por CLUSTAL pudimos denotar que el primate con quien más comparte similitudes en cuando a la conservación de la proteína como tal es el orangután.