

УДК 575.224: 582.282

Н.С.Тайков (5 курс, каф. ЭФ), И.В.Федорова, к.б.н., с.н.с. (ПИЯФ РАН)

## ИЗУЧЕНИЕ РОЛИ ГЕНА *HSM6* ДРОЖЖЕЙ *SACCHAROMYCES CEREVISIAE* В СПОНТАННОМ И ИНДУЦИРОВАННОМ МУТАГЕНЕЗЕ И В РЕПАРАЦИИ ИСКУССТВЕННЫХ ГЕТЕРОДУПЛЕКСОВ

Основной задачей исследования является изучение взаимодействия генов, контролирующих репликацию ДНК и генов, контролирующих спонтанный и УФ-индуцированный мутагенез у дрожжей *Saccharomyces cerevisiae*.

На первом этапе проведены исследования по изучению одиночных мутантов с нарушенной репликацией ДНК (*pol1-1*, *pol1-17*, *pol12* и *hsm6*). Известно, что *pol1-1* и *pol1-17* – мутантные аллели гена *POL1*, а *pol12* и *hsm6* – мутантные аллели гена *POL12*. Полученные данные показали, что разные мутантные аллели одного гена по-разному влияют на частоту спонтанного мутагенеза к канаванинустойчивости.

На втором этапе начата работа по изучению двойных мутантов, несущих в своих генах как мутации, нарушающие репликацию ДНК, так и мутации в гене *HSM3*, контролирующем один из минорных путей репарации ошибочно спаренных оснований. Путем разрушения гена *HSM3* в геноме полимеразных мутантов получены двойные мутанты *pol1-1hsm3::Kan<sup>r</sup>* и *pol1-17hsm3::Kan<sup>r</sup>*. Анализ спонтанного мутагенеза показал, что мутация в гене *HSM3* резко снижает частоту спонтанных мутаций устойчивости к канаванину у этих двойных мутантов.

В настоящее время ведутся работы по получению двойного мутанта *hsm6hsm3::Kan<sup>r</sup>*. В дальнейшем будет изучен спонтанный и УФ-индуцированный мутагенез у этого двойного мутанта, выявлен характер взаимодействия генов *HSM3* и *HSM6* и определены пути репарации, на которых они работают.

Подобная работа будет проведена и с двойным мутантом *hsm6rad59*, что позволит разрешить спорный вопрос о том, на каких путях репарации работает ген *RAD59*.

В дальнейшем предполагается изучить влияние мутации *hsm6* на репарацию искусственных гетеродуплексов, отобрать трансформанты определенного фенотипа и определить у них частоту возникновения делеций в гене *ADE2*.

При условии выполнения всех поставленных задач будет получена достаточно полная генетическая и биохимическая характеристика гена *HSM6*.