

НАЦИОНАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ЦЕНТР  
«КУРЧАТОВСКИЙ ИНСТИТУТ»

Петербургский институт ядерной физики им. Б. П. Константинова  
Национального исследовательского центра «Курчатowski институт»

**XXIII Зимняя молодежная школа  
по биофизике и молекулярной биологии**

26 февраля – 2 марта 2024 г.

**Тезисы докладов  
Молодежной конференции**



## Получение новых мутаций, влияющих на собственный супрессорный эффект генов *TEF1* и *TEF2*

Михайличенко А. С., Матвеев А. Г., Цветков А. А., Журавлева Г. А.

Санкт-Петербургский государственный университет,  
кафедра генетики и биотехнологии, Санкт-Петербург, Россия

*anast1221@gmail.com*

Гены *TEF1* и *TEF2* у дрожжей *Saccharomyces cerevisiae* имеют почти идентичные рамки считывания, и оба кодируют фактор элонгации трансляции eEF1A [1]. Ранее было показано, что некоторые доминантные мутации в данных генах влияют на нонсенс-супрессию [2]. Чтобы понять механизмы этого влияния, мы задались целью получить мутации генов *TEF1* и *TEF2*, изменяющие нонсенс-супрессорные свойства данных генов.

Для получения штаммов, у которых мутантная аллель *TEF2* кодирует единственную форму eEF1A, мы использовали штаммы с дизрупцией гена *TEF1*. С помощью системы CRISPR/Cas9 [3], мы встраивали мутантную копию *TEF2*, полученную при помощи неточной ПЦР, вместо *TEF2* дикого типа в данные штаммы. Для оценки нонсенс-супрессии в данных штаммах используется аллель *ade1-14* (UGA), которая приводит к накоплению красного пигмента-предшественника аденина. При повышении уровня нонсенс-супрессии путь биосинтеза восстанавливается, что фенотипически отражается в более светлой окраске колоний на среде со сниженным содержанием аденина.

Нам удалось отобрать 5 563 трансформанта, из которых 117 штаммов демонстрировали фенотип, соответствующий усилению их нонсенс-супрессорных свойств, и у 99 штаммов уровень нонсенс-супрессии, предположительно, был снижен. На данный момент фенотипы некоторых из данных штаммов были проанализированы, и при помощи секвенирования была установлена последовательность их гена *TEF2*.

В результате, нами впервые были обнаружены две мутации, приводящие к заменам аминокислот в С-терминальном домене белка eEF1A. Более того, ранее в ходе нашей работы была обнаружена аллель гена *TEF2*. На тот момент она была единственной аллелью данного гена, приводящей к снижению его супрессорных свойств. Однако мы уже обнаружили три штамма, несущие различные аллели гена *TEF2*, потенциально снижающие нонсенс-супрессорные свойства штаммов.

*В работе использовалось оборудование РЦ РМиКТ НП СПбГУ; работа выполнена при финансовой поддержке гранта Российского научного фонда 23-14-00063.*

1. Schirmaier F., Philippsen P., The EMBO journal. 3311–3315, 13 (1984).
2. Sandbaken M.G., Culbertson M.R., Genetics. 923–934, 4 (1988).
3. Matveenko A.G., Mikhailichenko A.S., Zhouravleva G.A., Microbiology (2024).