**Гемолизин II как новый порообразующий белок для одномолекулярного исследования биополимеров**

***Петров А.С., Сергеев А.В., Зверева М.Э.***

*Студент, 6 курс специалитета*

*Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова,*

*Химический факультет, Москва, Россия*

*E–mail:* [*asp2109@yandex.ru*](mailto:asp2109@yandex.ru)

Нанопоровое секвенирование – перспективный подход в современной молекулярной биологии, основанный на регистрации изменений электрического сигнала при прохождении одиночных молекул ДНК или РНК через белковые поры [1]. Важнейшим направлением развития данной технологии является поиск и модификация порообразующих белков, которые обеспечивают селективное распознавание биополимеров.

Особое внимание в этом контексте привлекают бактериальные порообразующие токсины, обладающие способностью формировать устойчивые нанопоры подходящего размера и формы для анализа высокомолекулярных соединений. В частности, перспективным кандидатом является гемолизин II (HlyII), цитолитический токсин из бактерии Bacillus cereus [2]. Несмотря на продемонстрированную способность данного белка пропускать малые молекулы и ионы, возможности его использования для транслокации крупных биополимеров, таких как ДНК и полипептиды, до сих пор не исследованы.

В настоящей работе была изучена возможность применения HlyII и его укороченной формы без С-концевого домена в качестве нанопоровых белков для анализа биополимеров с помощью электрофизиологических методов. Для решения поставленной задачи были выделены и очищены оба варианта гемолизина II, после чего проведены эксперименты по их встраиванию в искусственные бислойные липидные мембраны. С использованием метода регистрации тока через одиночный канал была оценена способность пор HlyII к транслокации молекул ДНК, полиглутамина и полизина.

Полученные результаты демонстрируют значительный потенциал гемолизина II и его модификаций для разработки новых платформ нанопорового анализа, особенно в области высокомолекулярных соединений. Проведённое исследование подтверждает перспективы дальнейшего совершенствования данных белков и создания на их основе эффективных биосенсорных и диагностических систем.

*С использованием благотворительного пожертвования ООО «Компания Хеликон»*

**Литература**

1. Беркович А.К., Пышкина О.А., Зорина А.А., Родин В.А., Панова Т.В., Сергеев В.Г., Зверева М.Э.. Прямое определение структуры единичных молекул биополимеров с помощью нанопорового севенирования// Успехи биологической химии. – 2024. – Т. 64. – С. 449–478.

2. Rudenko, N.V.; Nagel, A.S.; Melnik, B.S.; Karatovskaya, A.P.; Vetrova, O.S.; Zamyatina, A.V.; Andreeva-Kovalevskaya, Z.I.; Siunov, A.V.; Shlyapnikov, M.G.; Brovko, F.A.; Solonin, A.S. Utilizing Extraepitopic Amino Acid Substitutions to Define Changes in the Accessibility of Conformational Epitopes of the Bacillus cereus HlyII C-Terminal Domain. Int. J. Mol. Sci. 2023, 24, 16437.