

Оценка влияния дополнительной платформы на кинетику гибридизации 4WJ ДНК сенсора

Научный руководитель – Кошель Елена Ивановна

Висков Михаил Андреевич

Студент (магистр)

Санкт-Петербургский национальный исследовательский университет информационных технологий, механики и оптики, Санкт-Петербург, Россия

E-mail: viskov@scamt-itmo.ru

На данный момент существует ряд диагностических методов, таких как иммуноферментный анализ, полимеразная цепная реакция и высевание культур на питательные среды. Однако, существует необходимость создания и развития более дешёвых, точных и быстрых методов обнаружения патогенов. Одним из перспективных средств диагностики является прямая детекция нуклеиновых кислот микроорганизмов, например, при помощи ДНК-наносенсоров, так как они обладают достаточной чувствительностью и не требуют специального оборудования и навыков персонала для проведения тестирования. Гибридизационные сенсоры, образующие перекрестные ДНК-структуры (4WJ), способны детектировать однонуклеотидные полиморфизмы, наличие которых часто ассоциировано с резистентностью к противомикробным препаратам. Ранее было показано, что данные сенсоры могут быть далее модифицированы путём внесения дополнительной ДНК-платформы в их структуру, что облегчает процесс расплетения вторичной структуры анализита и позитивно сказывается на пределе обнаружения системы.

Целью данной работы является сравнение двух видов платформ разной длины (20 и 40 нуклеотидов) и оценка влияния дополнительной платформы на кинетику гибридизации 4WJ ДНК сенсора на примере 2-х микроорганизмов, имеющих клиническое значение. Реакцию проводили в присутствии 50 мМ MgCl₂, 50 мМ Tris HCl при комнатной температуре.

В качестве объектов исследования были выбраны *Neisseria gonorrhoeae*, *Mycoplasma genitalium* и *Escherichia coli*. Для *M. genitalium* рассматривается участок гена, кодирующего 23S рРНК с однонуклеотидной заменой (SNP) 2072 А»G, ассоциированной с устойчивостью к действию макролидов [1]. *Neisseria gonorrhoeae* представлена богатым на G/C пары участком гена *penA* с SNP в позиции 936 G»T, отвечающей за резистенность к цефалоспорином [2].

В результате работы была показана разница во времени достоверной детекции и времени насыщения при обнаружении *N. gonorrhoeae* (135/875 секунд для бинарного, 35/200 секунд для содержащего короткую платформу, 35/400 секунд для содержащего длинную платформу сенсоров) и *M. Genitalium* (580/580 секунд для бинарного, 575/1000 секунд для содержащего короткую платформу, 130/750 секунд для содержащего длинную платформу сенсоров).

Авторы исследования благодарны Министерству образования и науки Российской Федерации № FSER-2025-0019 за финансовую поддержку.

Источники и литература

- 1) Forslund, O., Hjelm, M., El-Ali, R., Johnsson, A., & Bjartling, C. *Mycoplasma genitalium* and Macrolide Resistance-associated Mutations in the Skåne Region of Southern Sweden 2015 // Acta Dermato-Venereologica. – 2017. – Vol. 97, №10. – P. 1235–1238.

- 2) Unemo, M., Shafer, W.M. Antimicrobial Resistance in *Neisseria gonorrhoeae* in the 21st Century: Past, Evolution, and Future // Clin Microbiol. Rev. – 2014. – Vol. 27, №3. – P. 587-613.