



**ЕКАТЕРИНА ИЛЬГИСОНИС, к.б.н., научный сотрудник
лаборатории анализа постгеномных данных ИБМХ,**

*рассказала об одном из ключевых событий 2017 года –
создании нового сверхточного способа детекции единичных молекул
белка*

- Единичные молекулы белка представляют огромный интерес для ученых: они могут быть потенциальными биологическими маркерами патологических состояний, и, кроме того, их детекция необходима для понимания молекулярных механизмов протекающих в клетке процессов. Экспериментальное подтверждение наличия единичных белковых молекул ограничено аналитической чувствительностью протеомных технологий, поскольку количества молекул недостаточно для срабатывания детектора прибора.

В геномике для амплификации молекул ДНК или РНК (увеличения числа копий) в биологическом образце до концентраций выше порога обнаружения используется метод полимеразной цепной реакции (ПЦР). На сегодняшний день в протеомике не существует сопоставимых по эффективности высокопроизводительных технологий, способных увеличить количество копий одного белка.

На протяжении длительного времени ученые для детекции единичных молекул белка пытались использовать различные физические методы: масс-спектрометрию, нанопровода, микрочипы, аптамеры. Оказалось, что механизм детекции единичных молекул предоставлен нам самой природой. Реализация этой технологии стала возможна с открытием семейства систем генетического CRISPR-CAS.

Согласно [опубликованным в Science 2017 году результатам](#), разработанная на основе Cas13a/C2c2 система детекции нуклеиновых кислот работает с аттомолярными (10^{18} молей на литр) концентрациями ДНК или РНК. Возможно, это покажется безликой цифрой, но на самом деле представляет собой перспективный метод диагностики с точностью до одной молекулы. **SHERLOCK** (*Specific High Enzymatic Reporter unLOCKing*) может быстро и точно выявлять патогены и проводить генотипирование, то есть отвечать на вопрос, что закодировано в конкретном месте редактирования CRISPR-CAS.