
物理所等提出快速识别病毒和细菌的新方法

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/9338.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

病毒感染和AMR相关的细菌感染都可以通过筛查患者样本中的DNA来检测。但这种方法是很具有挑战性的，因为病毒DNA的数量很少，而且检测环境中不可避免地存在其他的非病毒DNA。所以提高当前测试方法的灵敏度，以及设计出简单可靠的检测目标DNA的方案是目前的迫切需求。

通常，标准的方法是设计分子探针，它能与病毒DNA紧密地结合，但不能与非病毒DNA牢固结合。中国科学院物理研究所/北京凝聚态物理国家研究中心的研究人员与合作者，通过使用计算机模拟展示了如何更好地做到这一点。基本的想法是，与其设计与目标DNA某一特定位置牢固结合的分子探针，不如反直觉地，设计一个能够对整个目标DNA弱结合的探针，并利用超选择性的概念来实现探针与目标DNA的选择性多价态结合。由此作者们提出了一个数值方案来识别最佳的探针序列，并在大规模粗粒化的模拟中验证了此方法。模拟结果表明所设计的探针确实可以更有效区分病毒和细菌基因组，甚至可以区分两种不同的大肠杆菌。

这项研究为开发健全且经济高效的传染病检测方法开辟了新的可能性。鉴于对快速、可靠的疾病检测方法的迫切需求，该研究结果有望产生较大的影响并激发开展相关的实验工作，从而开发出新的保健产品。

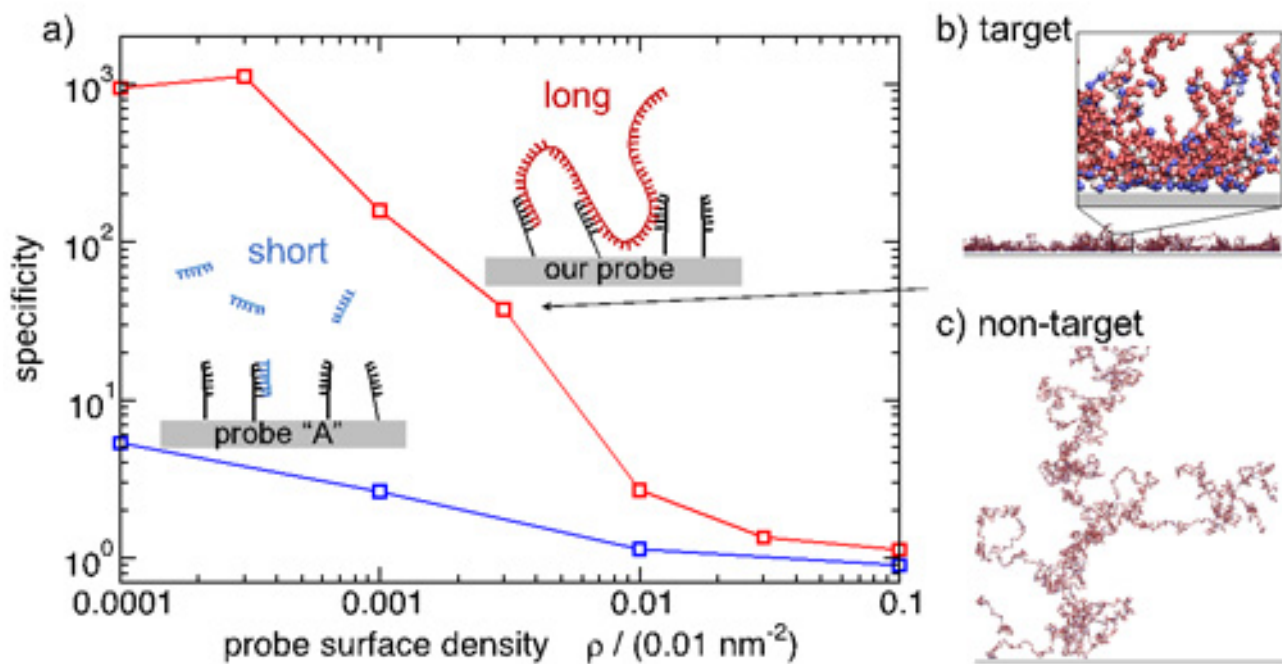
该工作以Computational design of probes to detect bacterial genomes by multivalent binding

为题，发表在《美国国家科学院院刊》上。本文作者是一个由英国、中国和斯洛文尼亚研究人员所组成的跨国研究团队，由英国爱丁堡的Rosalind J.

Allen负责协调，物理所的研究人员做出了重要贡献: 除了软物质重点实验室Tine Curk, James D. Farrell 和 Jure Dobnikar外，定期访问的研究员Daan Frenkel, Erika Eiser 和Stefano Angioletti-Ubert也参与其中。物理所研究员Jure

Dobnikar为该论文的通讯作者。这项研究得到国家自然科学基金委的支持。

[文章链接](#)



图：模拟细菌DNA的多价检测。(a) 靶标与非靶标DNA结合到涂有靶向大肠杆菌的探针的表面上的特异性。蓝色曲线显示已发布探针的结果，红色曲线显示得分最高的多价探针结合。(bc) 模拟大肠杆菌(b)和枯草芽孢杆菌(c)与多价探针包被的表面结合的基因组DNA的快照。(b)中的爆破部分显示，主要在靠近表面的位置具有较强的表面结合相互作用的蓝色斑点。资料来源：PNAS <https://doi.org/10.1073/pnas.1918274117>.

研究团队单位：物理研究所

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发