



Priopćenje za javnost

Petra Buljević Zdjelarević

Institut Ruđer Bošković, Ured za odnose s javnošću

Tel.: +385 (1) 457-1269, (99) 267-95-14, (99) 312-66-06

E-mail: info@irb.hr

ZAGREB, 18.01.2013.

'Ruđerovci' razvili novu metodu za predviđanje funkcije gena

Ubrzati proces otkrića cilj je svih današnjih istraživanja u bioinformatici. Nova metoda s Instituta Ruđer Bošković omogućava predviđanje funkcija gena prokariotskih organizama jednostavnijim i jeftinijim procesom.

Znanstvenici Instituta Ruđer Bošković Nives Škunca, dr. sc. Fran Supek, dr. sc. Tomislav Šmuc i Matko Bošnjak iz Grupe za računalnu biologiju i bioinformatiku Zavoda za elektroniku osmislili su novi bioinformatički model i web servis za filogenetsko profiliranje kojim se putem računalnog predviđanja dodjeljuje funkcija genima bakterija i arheja. Nova metoda umanjuje trošak i vrijeme trajanja često skupih i dugotrajnih eksperimenata, a namijenjena je znanstvenicima koji se bave bazičnim istraživanjima kao i ekolozima, toksikolozima i farmaceutima.

Pristup moderne molekularne biologije razumijevanju složenih bioloških sustava temelji se na proučavanju djelovanja mnoštva njihovih zasebnih komponenti kao što su kromosomi, geni ili proteini. Danas poznajemo genomske slijedove (genetičku kartu) za velik broj organizama. Međutim, čak i za dobro poznate modelne organizme funkcija mnogih gena još uvijek je nepoznata pa tako npr. u najbolje istraženom mikroorganizmu, crijevnoj bakteriji *Escherichia coli* oko 600 gena nema poznatu funkciju. Da bi se utvrdila funkcija samo jednog gena među tisućama gena kojima svaki prokariot (bakterija i arheja) raspolaže, potrebne su opsežne eksperimentalne studije.

Cilj je istraživanja 'Ruđerovaca' bio **razviti novu bioinformatičku metodu** kojom bi se smanjio postojeći jaz između broja sekvenciranih gena i onih za koje postoji opis funkcije. Za razliku od postojećih metoda, ova metoda u obzir uzima razlike u evoluciji gena nastalih specijacijom (nastankom vrste) iz zajedničkog pretka i gena nastalih duplikacijom tj. evolucijom istog gena unutar jedne vrste, čime se povećava razlučivost među funkcijama gena bakterija i arheja, uz postizanje višeg postotka točnog predviđanja.

Nova računalna metoda rezultat je **višegodišnjih istraživanja u sklopu iProjekta MZOS-a GORBI** (Gene Ontology at Ruđer Bošković Institute) kojeg su 'Ruđerovci' pokrenuli u suradnji s kolegama iz Grupe za računalnu biokemiju ETH-a u Zürichu i Zavodom za tehnologije znanja Instituta Jožef Štefan u Ljubljani. Riječ je zapravo o GORBI bazi podataka koja, između ostalog, pohranjuje podatke dobivene novom metodom. Tako pohranjeni podaci dostupni su svim potencijalnim korisnicima preko **jednostavnog, intuitivnog i potpuno besplatnog sučelja** za pristup podacima.

„Računalne metode često, kao i u ovom slučaju, služe da suze izbor potencijalnih kandidata za eksperimentalnu analizu. Na primjer, ako smo zainteresirani za gene koji sudjeluju u antibiotskoj rezistenciji u bakteriji *Salmonella typhimurium*, nije potrebno pregledati svih oko 4000 gena, već nam računalne metode mogu dati desetak kandidata koji najviše obećavaju.“ – potvrdila je Nives Škunca.

Visoka točnost predviđanja računalnog modela potvrđena je i laboratorijskim pokusima na *38 Escherichia coli knockout mutantima* u suradnji s dr. sc. Anitom Kriško iz MedILS-a. Model za računalnu dodjelu funkcija primijenjen je do sada na 998 genoma bakterija i arheja, a **rezultati uključuju oko 400.000 predviđenih funkcija s procijenjenom točnošću od 90%** od čega je predviđeno 19.000 vrlo specifičnih funkcija kao npr. 'vezanje penicilina', 'tRNA aminoacilacija za translaciju proteina' ili 'patogeneza'.

Da je riječ je o novom modelu koji je jedinstven u svijetu potvrđuje i činjenica da je rad naših znanstvenika objavljen u časopisu *PLOS Computational Biology* pod naslovom *Phyletic profiling with cliques of orthologs is enhanced by signatures of paralogy relationships*.

„Naravno da se naša metoda nadograđuje na postojeće ideje, ali mi smo prvi integrirali sve komponente u jednu cjelinu i pokazali da je baš ova kombinacija superiorna mnogim drugima koje smo provjerili.“ - istaknuo je dr. sc. Tomislav Šmuc, predstojnik Zavoda za elektroniku IRB-a.

Danas je nezamislivo baviti se istraživanjem genoma bez korištenja modernih računalnih metoda. Posljedice 'novog doba' koje bioinformatika donosi osjetit će se u istraživanjima koja proučavaju važnost mikroba za zdravlje čovjeka, u biotehnologiji te u istraživanjima u kojima se mikrobi koriste za čišćenje okoliša. Bioinformatičke metode poput predviđanja funkcija gena, koje donosi GORBI, zbog izuzetne važnosti i sveopće prisutnosti mikroba u okolišu, mogu pomoći u razvoju novih tehnologija u proizvodnji hrane, biogoriva kao i bioremedijaciji.

KORISNE POVEZNICE:

PROJEKTU:

<http://gorbi.irb.hr/hr/method/>

<http://public.mzos.hr/Default.aspx?art=9117&sec=1933>

LINK NA ČLANAK:

<http://www.ploscompbiol.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pcbi.1002852>

GRUPA ZA RAČUNALNU BIOLOGIJU I BIOINFORMATIKU, ZEL – IRB

<http://www.irb.hr/Istrazivanja/Zavodi-i-centri/Zavod-za-elektroniku/Grupa-za-racunalnu-biologiju-i-bioinformatiku>

KONTAKTI SUGOVORNIKA:

Dr.sc. Tomislav Šmuc

<http://www.irb.hr/Istrazivanja/Zavodi-i-centri/Zavod-za-elektroniku/Grupa-za-racunalnu-biologiju-i-bioinformatiku/Tomislav-Smuc>

Dr.sc. Fran Supek

<http://www.irb.hr/Istrazivanja/Zavodi-i-centri/Zavod-za-elektroniku/Grupa-za-racunalnu-biologiju-i-bioinformatiku/Fran-Supek>

Nives Škunca

<http://www.cbrg.ethz.ch/people/skunca>