



**PRIOPĆENJE ZA MEDIJE:**

Petra Buljević Zdjelarević, Ured za odnose s javnošću  
Institut Ruđer Bošković  
T. +385 (1) 457-1269, (99) 267-95-14  
E: [info@irb.hr](mailto:info@irb.hr) W: [www.irb.hr](http://www.irb.hr)

**Zagreb, 14. lipnja 2014.**

## Nature Communications objavio je novu metodu hrvatskih znanstvenika

*Znanstvenici su razvili novu, bržu i visoko osjetljivu metodu za analizu podataka dobivenih sekvenciranjem DNA uz pomoć tehnologije nanopora*

**Hrvatski znanstvenici Ivan Sović s Instituta Ruđer Bošković (IRB) te izv. prof. dr. sc. Mile Šikić sa zagrebačkog Fakulteta elektrotehnike i računarstva (FER), u suradnji s kolegama s Instituta za istraživanje genoma iz Singapura, razvili su novu metodu za analizu podataka dobivenih sekvenciranjem DNA uz pomoć tehnologije nanopora. Novu metodu karakterizira visoka osjetljivost, točnost i brzina poravnanja.**

Riječ je o posebno dizajniranoj metodi GraphMap koja omogućava preciznije sastavljanje genoma s podacima dobivenim uređajem MinION u slučaju kada je referentni genom poznat.

Nova metoda se temelji na hijerarhijskom pristupu u poravnanju od četiri koraka. Svakim se korakom želi zadržati **velika osjetljivost, točnost i brzina poravnanja**. Rezultate istraživanja objavio je prestižni znanstveni časopis **Nature Communications**.

Područje analiza DNA razvija se izuzetno brzo zahvaljujući dostupnosti novih tehnologija sekvenciranja. Moguće su **primjene** u raznim područjima od **praćenja i dijagnostike bolesti, poboljšanja uzgoja usjeva do sekvenciranja ljudske DNA u svrhu određivanja terapija posebno prilagođenih pojedinoj osobi**.

Sve do nedavno, uređaji za sekvenciranje DNA bili su skupi, glomazni i nezgrapni. Razvoj jeftinijih, prijenosnih uređaja za sekvenciranje početkom 2014. godine, obećavao je znatan napredak u odnosu na dotadašnje pristupe, te je za pretpostaviti da će pridonijeti još široj primjeni sekvenciranja.

Tako su, tijekom posljednjih godina, dizajnirani uređaji tzv. treće generacije sekvenciranja, među kojima je **najnoviji MinION** kojeg je razvio Oxford Nanopore Technologies (ONT).

**Ovaj uređaj je veličine mobitela**, košta oko tisuću dolara i spaja se na obično računalo putem USB 3.0 priključka, a generira dugačka očitavanja, no uz vrlo veliku pogrešku.

"Uređaji druge generacije imali su svega jedan do dva posto pogrešnih podataka. Kod novih uređaja taj je broj iznad deset posto, a kod ONT uređaja s podacima koje smo koristili u radu ta je pogreška bila i do trideset i pet posto." – objašnjava **Ivan Sović**, doktorand u Centru za informatiku i računarstvo IRB-a te jedan od autora na radu i dodaje - "To je iznimno velika pogreška, ali zbog jako dugačkih sekvenci koje ONT uređaji generiraju, zapravo je informacija



sačuvana baš u tim fragmentima usprkos velikoj pogrešci. Naš je cilj bio razviti dovoljno dobre algoritme koji mogu baratati tom informacijom, a neovisno o pogrešci."

"Upravo nam je to pošlo za rukom. Dakle, uspjeli smo razviti cijeli niz algoritama koji mogu rabiti i analizirati podatke dobivene ONT uređajima i u stanju su iskoristiti više od devedeset posto podataka dobivenih iz uređaja MinION. Pritom smo se istovremeno bavili dvama temeljnim problemima u bioinformatičari - sastavljanjem i poravnanjem genoma. Taj niz algoritama ujedinili smo u jednu metodu – GraphMap" – zaključuje **izv. prof. dr. sc. Mile Šikić**, voditelj Laboratorija za bioinformatiku i računalnu biologiju FER-a i autor na radu.

Izražavajući svoje uzbuđenje oko napretka u budućem razvoju genomike, **dr. sc. Niranjana Nagarajan**, dopisni autor studije i glavni istraživač na odjelu za računalnu i sistemsku biologiju Instituta za istraživanje genoma u Singapuru istaknuo je: "Napreci u razvoju tehnologije analize DNA zaista su nevjerojatni i mi smo oduševljeni da možemo odigrati ulogu u ovoj revoluciji. GraphMap je rezultat sjajne transnacionalne suradnje s Ivanom Sovićem i Milom Šikićem. Cijeli tim se nada da će GraphMap poslužiti kao vrijedan alat za analizu sekvenciranja tehnologijom nanopora."

Rezultati istraživanja opisani su u radu pod naslovom: 'Fast and sensitive mapping of nanopore sequencing reads with GraphMap' kojeg je objavio Nature Communications, a uz hrvatske znanstvenike, koji su ko-prvi autori na radu, u studiji su sudjelovali Niranjana Nagarajan kao dopisni autor, te Andreas Wilm, Shannon Nicole Fenlon i Swaine Chen s Instituta za istraživanje genoma u Singapuru.

#### **KORISNE POVEZNICE:**

RAD: <http://www.nature.com/ncomms/2016/160415/ncomms11307/full/ncomms11307.html>

PRIOPĆENJE GIS-a: [http://www.gis.a-star.edu.sg/internet/site/article\\_data/sufian\\_3/may-2016/GraphMap\\_v2.3\\_final.pdf](http://www.gis.a-star.edu.sg/internet/site/article_data/sufian_3/may-2016/GraphMap_v2.3_final.pdf)