Sporočilo za javnost                                                Za takojšnjo objavo.

**Nacionalni inštitut za biologijo je v začetku leta 2024**  **prejel akreditacijo po ISO 17025 za celoten postopek uporabe visokozmogljivega sekvenciranja z nanoporami za ugotavljanje prisotnosti karantenskih virusov, ki lahko okužijo paradižnik, papriko in bučevke, in ki na območju EU še niso prisotni, bi pa v primeru vnosa povzročili veliko gospodarsko škodo. To predstavlja prvi primer takega tipa akreditacije v globalnem merilu. Dosežek je plod več deset let trajajočih bazičnih raziskav, zadnji rezultati povezani z dosežkom, pa so bili objavljeni v uglednih znanstvenih revijah Mikrobiom in Water Research.**

**Ljubljana, 23. 4. 2024 – Na Nacionalnem inštitutu za biologijo je potekal dogodek, posvečen tehnikam visokozmogljivega sekvenciranja: »Vpogled v virome rastlin: od temeljnih raziskav do najsodobnejše diagnostike«. Tehnike predstavljajo revolucijo pri zaznavanju in razumevanju virusov, saj z njimi netarčno zaznavamo viruse in tudi odkrivamo veliko novih virusov, ki prej še niso bili poznani za znanost.**

Zaradi raznolikosti virusov ne poznamo skupnih ohranjenih genov, ki bi lahko omogočili tarčno preučevanje **viromov**. Virom je združba vseh virusov, ki jih najdemo v nekem vzorcu. Za raziskovanje celotne raznolikosti virusov zato potrebujemo popolnoma netarčne pristope. Tak pristop predstavlja naključno visokozmogljivo sekvenciranje, s katerim lahko določimo zaporedja vseh nukleinskih kislin (DNK, RNK) v nekem vzorcu, brez predhodnega znanja ali pričakovanja o tem, kaj lahko v vzorcu najdemo.

Kot je na dogodku poudaril **doc. dr. Denis Kutnjak, vodja delovne enote Mikrobiologija na Oddelku za biotehnologijo in sistemsko biologijo, NIB,** je v virologiji uporaba visokozmogljivega sekvenciranja v zadnjih 15 letih sprožila revolucijo pri odkrivanju prej še neznane raznolikosti virusov. S tem se je potrdilo, da je delež nepoznane raznolikosti virusov na Zemlji zelo visok in zanj se je uveljavil tudi izraz »virusna temna snov«. Visokozmogljivo sekvenciranje je na Oddeleku za biotehnologijo in sistemsko biologijo, NIB, postalo nepogrešljivo orodje na različnih področjih delovanja (odkrivanje in zaznavanje mikrobov, zlasti virusov, raziskave izražanja genov pri interakcijah med rastlinami in mikrobi, karakterizacija biofarmacevtikov, kot so virusi za gensko terapijo in vakcine, raziskave evolucije in raznolikosti mikrobov). Primeri uporabe segajo od odgovarjanja na temeljna raziskovalna vprašanja glede raznolikosti in evolucije virusov v različnih gostiteljih do vpeljave metod v uradno diagnostiko bolezni  rastlin ter opravljanja storitev v sodelovanju s podjetji, zlasti s področja biofarmacije.

Zadnje obsežnejše viromske raziskave je NIB opravil v okviru evropskega projekta [MSCA ITN INEXTVIR](https://inextvir.eu/), ki so ga na NIB tudi vodili in v katerem je sodelovalo 15 partnerjev iz 6 držav iz EU. Na NIB so pri tem raziskovali virome  nasadov paradižnika, tako v rastlinah paradižnika kot v plevelnih rastlinah in vodnih telesih v bližini, ter odkrili številne prej še neznane viruse. Rezultate raziskav so objavili v uglednih znanstvenih revijah *Microbiome* in [*Water Research*](https://doi.org/10.1016/j.watres.2023.120712). Pomen teh raziskav in dosežkov so z raziskovalci in s publiko na dogodku v obliki pogovora delili prof. dr. Maja Ravnikar (direktorica NIB), dr. Ion Gutierrez Aguirre (raziskovalec na Oddelku za biotehnologijo in sistemsko biologijo, NIB) doc. dr. Nataša Mehle (vodja nacionalnega laboratorija za določanje virusov, viroidov in fitoplazem, ki je tudi del EU referenčnega laboratorija, NIB) doc. dr. Denis Kutnjak (vodja delovne enote Mikrobiologija na Oddelku za biotehnologijo in sistemsko biologijo, NIB) in Dr. Gerard Coyne (predstavnik podjetja Oxford Nanopore Technologies).

Velik razvoj je v zadnjih letih doživela metoda sekvenciranja s pomočjo nanopor, ki jo je na dogodku predstavil **dr. Gerard Coyne, Associate Director, Applied Industrial Markets, Oxford Nanopore Technologies**. Pri tej metodi gre za poseben način branja nukelotidnih zaporedij, ki poteka, ko se DNK ali RNK molekule premikajo skozi poro v membrani in se pri tem specifično spreminja električna napetost. Spremenjen signal, ki ga pri tem zapiše naprava, se nato pretvori v zaporedje DNA oz. RNK. Tak pristop omogoča hitro in cenovno dostopno analizo ter izdelavo prenosnih naprav za sekvenciranje ter določanje dolgih odsekov genomov, kar predstavlja prednosti v primerjavi z drugimi uveljavljenimi metodami.

S tem razlogom je NIB v letu 2023 preverili ustreznost uporabe visokozmogljivega sekvenciranja z nanoporami, da bi ugotovili  prisotnosti karantenskih virusov, ki lahko okužijo paradižnik, papriko in bučevke, in ki na območju EU še niso prisotni, bi pa v primeru vnosa povzročili veliko gospodarsko škodo. Celoten postopek je NIB validiral v skladu s smernicami evropske in mediteranske organizacije za zaščito rastlin (EPPO) na primeru enega virusa in nato v začetku leta 2024 prejel akreditacijo po ISO 17025. Kot je na dogodku **poudarila Doc. dr Nataša Mehle, vodja nacionalnega laboratorija za določanje virusov, viroidov in fitoplazem, ki je tudi del EU referenčnega laboratorija, NIB,** to predstavlja prvi primer takega tipa akreditacije v globalnem merilu.

**Dodatne informacije**: Doc. dr. Denis Kutnjak, vodja delovne enote Mikrobiologija na Oddelku za biotehnologijo in sistemsko biologijo, denis.kutnjak@nib.si.