

Oznaka poročila: ARRS-RPROG-ZP-2015/159



## ZAKLJUČNO POROČILO O REZULTATIH RAZISKOVALNEGA PROGRAMA

(za obdobje 1. 1. 2009 - 31. 12. 2014)

### A. PODATKI O RAZISKOVALNEM PROGRAMU

#### 1. Osnovni podatki o raziskovalnem programu

<b>Šifra programa</b>	P4-0220	
<b>Naslov programa</b>	Primerjalna genomika in genomska biodiverzitet Comparative genomics and genomic biodiversity	
<b>Vodja programa</b>	5098 Peter Dovč	
<b>Obseg raziskovalnih ur (vključno s povečanjem financiranja v letu 2014)</b>	41682	
<b>Cenovni razred</b>	D	
<b>Trajanje programa</b>	01.2009 - 12.2014	
<b>Izvajalci raziskovalnega programa (javne raziskovalne organizacije - JRO in/ali RO s koncesijo)</b>	481 Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta 334 Univerzitetni klinični center Maribor	
<b>Raziskovalno področje po šifrantu ARRS</b>	4 BIOTEHNIKA 4.02 Živalska produkcija in predelava	
<b>Družbeno-ekonomski cilj</b>	08. Kmetijstvo	
<b>Raziskovalno področje po šifrantu FOS</b>	4 Kmetijske vede 4.02 Znanosti o živalih in mlekarstvu	

### B. REZULTATI IN DOSEŽKI RAZISKOVALNEGA PROGRAMA

#### 2. Povzetek raziskovalnega programa<sup>1</sup>

SLO

Program je sestavljalo šest tematskih enot, ki so bile med seboj povezane in so omogočale izkoriščanje sinergij znotraj programske skupine na ravni vsebinskega in metodološkega sodelovanja. V sklopu proučevanja molekularnega ozadja metabolizma energije smo razvili

mišji model za študij debelosti in na kromosomu 15 kartirali QTL Fob3. Z genetsko analizo smo izločili kandidatni gen Sqle, in identificirali nekaj novih kandidatov (Abcb11, Dio2, Tst). Pomembno je odkritje funkcije gena Depton v maščobnem tkivu, ki kaže na doslej prezrto dejstvo, da so razen energetske homeostaze, uravnavane preko možganov, zelo pomembni tudi avtonomno delujoči geni in procesi v perifernih tkivih.

Proučevali smo vlogo delovanja miRNA pri izražanju laktoproteinov v mlečni žlezi. Z bioinformacijskim pristopom smo identificirali v mlečni žlezi izražene miRNA in njihove potencialne tarče v genih s specifičnim izražanjem v mlečni žlezi.

V sklopu filogenetskih raziskav smo z molekularnimi markerji na primeru vrste *Delminichthys adspersus* prvič pokazali migracijo površinske vrste preko podzemnih kraških povezav. Proučevali smo populacijsko strukturo postrvi na območju Balkana in revidirali filogenijo marmorirane postrvi, ki kaže, da severna in južna populacija tvorita monofiletsko skupino. Dokazali smo nukleazno aktivnost *M. synoviae*, ki je lahko povezana z zmanjšano viabilnostjo okuženih celic. V sklopu raziskav interakcij ptičjih mikoplazem z gostitelji smo ugotovili, da *M. synoviae* lahko invadira kokošje fibroblaste, eritrocite in hondrocite. Sekvencirali smo genoma *Mycoplasma gallisepticum* S-6 in tipskega seva *Mycoplasma synoviae*, WVU 1853. Pri MS smo našli več regij- genov, med njimi tudi gen za integrazo, ki ima vlogo mestno-specifične rekombinaze. Proučevali smo hemaglutinine pasjih patogenih mikoplazem *M. cynos* in *M. canis*, med njimi HAP, ki je močno imunogen za pse in potencialen antigen za serološko diagnostiko.

Naši skupini je uspelo opisati prvi primer citogenetske evidence za akutno mieloidno levkemijo. Za diagnozo CMT1A (Charcot-Marie-Tooth disease, type 1A) in dedno neuropatijo, povezano z ohromelostjo (HNPP) smo uporabili metodo amplifikacije z multipleksno ligacijo (MLPA). Gensko amplifikacijo TERC smo proučevali kot potencialni diagnostični marker za rutinsko citološko presejevanje in za izboljšanje natančnosti konvencionalnih metod za odkrivanje predneoplastičnih poškodb materničnega vratu.

Pomembno povezovalno vlogo v programu predstavlja bioinformacijski modul, ki omogoča integracijo raznovrstnih podatkov v kompleksne podatkovne zbirke in uporabo le teh pri študiju kompleksnih lastnosti. V tem okviru razvijamo integratonsko platformo IntegratomicsTime, ki s specializiranimi podatkovnimi zbirkami predstavlja pomembno podporo raziskovalcem, na različnih področjih biomedicinskih raziskav.

ANG

The program joins six units that allowed the exploitation of synergies within the research group at the level of thematic and methodological cooperation. In the context of studying the molecular background of energy metabolism, we developed a mouse model for obesity and mapped QTL Fob3 on chromosome 15. Genetic analysis eliminated Sqle as a candidate gene, but identified several new candidates (Abcb11, Dio2, Tst). An important discovery is the function of Depton gene in the adipose tissue, showing that in addition to the energy homeostasis regulation through the brain, also autonomously functioning genes in peripheral tissues play an important role.

We studied the role of miRNA in the regulation milk protein expression in the mammary gland. Using the bioinformatic approach, we identified mammary gland expressed miRNAs and their potential target genes expressed in the mammary gland. We also participated in a consortium for the annotation of genes that are expressed in the bovine mammary gland.

Using molecular markers for population studies in *Delminichthys adspersus* we first showed migration of surface species through underground karst links. We studied the population structure of trout in the Balkans and revised marbled trout phylogeny, showing that northern and southern populations form a monophyletic group.

We demonstrated the nuclease activity of *M. synoviae*, which may be associated with a reduced vitality of living infected cells. Studying the host-pathogen interactions, we found that *M. synoviae* can invade fibroblasts, red blood cells and chondrocytes. We studied the hemagglutinins in dog pathogenic mycoplasmas *M. cynos* and *M. canis*, including HAP, which is highly immunogenic for dogs and potential a suitable antigen for serological diagnostics.

Our group succeeded to describe the first example of cytogenetic background of acute myeloid leukemia. For the diagnosis of CMT1A (Charcot-Marie-Tooth disease, type 1A) and hereditary neuropathy associated with palsy (HNPP) the multiplex ligation amplification (MLPA) was used. TERT gene amplification was studied as a potential diagnostic marker for routine screening to improve the accuracy of conventional methods for the detection of pre-neoplastic cervix damage.

Important integrative role in the program represents a bioinformatic module that allows integration of heterogeneous data sets into complex database and its application in studies of complex traits. In this context, we are developing an integratOMIC platform IntegratOMICsTime, which offers specialized databases as an important support to researchers in various fields of biomedical research.

### **3. Poročilo o realizaciji predloženega programa dela na raziskovalnem programu, (vključno s predloženim dopolnjenim programom dela v primeru povečanja financiranja raziskovalnega programa v letu 2014)<sup>2</sup>**

SLO

V programu načrtani cilji so bili v celoti doseženi, na nekaterih področjih celo preseženi in tako odpirajo nove perspektive za izkoriščanje prednosti primerjalnega genomskega pristopa. Če izpostavimo samo nekaj dosežkov, ki presegajo pričakovanja, načrtana v programu, je to gotovo odkritje funkcije gena Deptor in razjasnitev ozadja QTL za debelost, presenetljiva regeneracijska sposobnost epitelnih celic mlečne žleze v heterolognem sistemu, odkritje liganda za TLR15, odkritje podzemnih migracij *Delminichthys adspersus* in odkritje citogenetskega ozadja levkemije. Programska skupina je dokazala prednosti primerjalnega genomskega pristopa in interdisciplinarne zasnove raziskav, ker združuje ekspertizo z različnih področij genomskega pristopa in tako povezuje raziskovalce na širšem področju biomedicine in genomike. V okviru programa so se permanentno izobraževali doktorandi in program se je uspel povezati v mednarodno okolje v okviru mreže odličnosti EADGENE in EADGENE\_S. Programska skupina je sodelovala tudi pri pripravi dveh predlogov evropskih raziskovalnih projektov, ki sta v fazi evalvacije in večje število bilateralnih projektov, ki so nam omogočili aktivnejšo integracijo v mednarodni raziskovalni prostor. Bibliografski rezultati programa kažejo na uspešno publiciranje rezultatov v kakovostnih revijah, saj je bilo kar 43% člankov, ki izvirajo iz programa objavljenih v revijah iz prvega kvartala na področju in 11% člankov je bilo opredeljenih kot izjemni dosežek (A''). V okviru programske skupine je v obdobju 2009-2014 nastalo 92 člankov, objavljenih v mednarodnih revijah, ki dokumentirajo naše raziskovalno delo in vpetost v mednarodni raziskovalni prostor. Če k temu dodamo še več kot 2900 citatov, vabljenih predavanj na mednarodnih kongresih, poglavja v monografijah, dva domača in dva tuja patenta, uredniške dejavnosti članov programske skupine in skoraj 800 bibliografskih enot, pri katerih so soavtorji člani programske skupine, se izoblikuje slika programske skupine, ki večinsko deluje na univerzi in je po svoji osnovni naravnosti usmerjena v izobraževanje na dodiplomski in podiplomski ravni. Rezultati našega raziskovalnega dela imajo zato neposreden vpliv na kakovost visokošolskega izobraževanja in tako najdejo najkrajšo pot do uporabnikov. Strokovna dejavnost članov programske skupine dopolnjuje raziskovalno delo in nam omogoča neposredne stike z gospodarstvom in preverjanje naših sposobnosti v okolju, ki se jasno razlikuje od akademskega raziskovalnega okolja. Nenazadnje člani programske skupine s svojimi nastopi v medijih, dnevnem časopisju in na javnih tribunah pomembno prispevajo k popularizaciji znanosti in področij raziskav, na katerih delujemo. V zadnjem obdobju smo pridobili en evropski projekt - TREASURE, kjer sodelujemo v dveh delovnih sklopih, s projektnim predlogom ARIMNET pa smo se uvrstili v drugi krog evalvacij. V zadnji meseci leta 2014 smo objavili (oziroma prejeli obvestila, da so bili članki sprejeti v tisk) za pet člankov, ki so deloma že izšli, drugi pa bodo izšli v letu 2015.

### **4. Ocena stopnje realizacije programa dela na raziskovalnem programu in zastavljenih raziskovalnih ciljev<sup>3</sup>**

SLO

V programu načrtani cilji so bili v celoti doseženi, na nekaterih področjih celo preseženi in tako odpirajo nove perspektive za izkoriščanje prednosti primerjalnega genomskega pristopa. Če izpostavimo samo nekaj dosežkov, ki presegajo pričakovanja, načrtana v programu, je to gotovo odkritje funkcije gena Depton in razjasnitev ozadja QTL za debelost, presenetljiva regeneracijska sposobnost epitelnih celic mlečne žleze v heterolognem sistemu, odkritje liganda za TLR15, odkritje podzemnih migracij *Delminichthys adspersus* in odkritje citogenetskega ozadja levkemije. Programska skupina je dokazala prednosti primerjalnega genomskega pristopa in interdisciplinarne zasnove raziskav, ker združuje ekspertizo z različnih področij genomskega raziskav in tako povezuje raziskovalce na širšem področju biomedicine in genomike. V okviru programa so se permanentno izobraževali doktorandi in program se je uspel povezati v mednarodno okolje v okviru mreže odličnosti EADGENE in EADGENE\_S. Programska skupina je sodelovala tudi pri pripravi dveh predlogov evropskih raziskovalnih projektov, ki sta v fazi evalvacije in večje število bilateralnih projektov, ki so nam omogočili aktivnejšo integracijo v mednarodni raziskovalni prostor. Bibliografski rezultati programa kažejo na uspešno publiciranje rezultatov v kakovostnih revijah, saj je bilo kar 43% člankov, ki izvirajo iz programa objavljenih v revijah iz prvega kvartala na področju in 11% člankov je bilo opredeljenih kot izjemni dosežek (A"). V okviru programske skupine je v obdobju 2009-2014 nastalo 92 člankov, objavljenih v mednarodnih revijah, ki dokumentirajo naše raziskovalno delo in vpetost v mednarodni raziskovalni prostor. Če k temu dodamo še več kot 2900 citatov, vabljenih predavanj na mednarodnih kongresih, poglavja v monografijah, dva domača in dva tuja patenta, uredniške dejavnosti članov programske skupine in skoraj 800 bibliografskih enot, pri katerih so soavtorji člani programske skupine, se izoblikuje slika programske skupine, ki večinsko deluje na univerzi in je po svoji osnovni naravnosti usmerjena v izobraževanje na dodiplomski in podiplomski ravni. Rezultati našega raziskovalnega dela imajo zato neposreden vpliv na kakovost visokošolskega izobraževanja in tako najdejo najkrajšo pot do uporabnikov. Strokovna dejavnost članov programske skupine dopolnjuje raziskovalno delo in nam omogoča neposredne stike z gospodarstvom in preverjanje naših sposobnosti v okolju, ki se jasno razlikuje od akademskega raziskovalnega okolja. Nenazadnje člani programske skupine s svojimi nastopi v medijih, dnevnem časopisju in na javnih tribunah pomembno prispevajo k popularizaciji znanosti in področij raziskav, na katerih delujemo.

#### **5. Utemeljitev morebitnih sprememb programa raziskovalnega programa oziroma sprememb, povečanja ali zmanjšanja sestave programske skupine v letu 2014<sup>4</sup>**

*SLO*

Spremembe programske skupine so bile omejene na prihod novih mladih raziskovalcev in njihov odhod po uspešno zaključenem usposabljanju z izjemo Irene Godnič, ki je prekinila usposabljanje pred zaključkom.

6. Najpomembnejši znanstveni rezultati programske skupine<sup>5</sup>

Znanstveni dosežek			
1.	COBISS ID	2460552	Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO	Objava genoma goveda
		ANG	The genome sequence of taurine cattle
	Opis	SLO	Dva člana programske skupine sta sodelovala v Bovine Genome Sequencing and Analysis Consortium pri ročni anotaciji genov, ki so izraženi v mlečni žlezi. Objavljena in anotirana genomska sekvenca predstavlja prvi znani prežvekovski genom in odpira številne možnosti za boljše razumevanje simbioze mikroorganizmov v vampu in gostitelja, delovanja imunskega sistema in laktacije.
		ANG	Two members of the programme participated in the Bovine Genome Sequencing and Analysis Consortium with the task to annotate genes expressed in the mammary gland. The published annotated cattle genome sequence represents the first fully sequenced ruminant genome and opens new aspects in understanding symbiosis between ruminal microorganisms and host as well as regulation of immune system and lactation.
	Objavljeno v	American Association for the Advancement of Science; Science; 2009; Vol. 324, no. 5926; str. 522-528; Impact Factor: 29.747; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 2.33; A": 1; A': 1; WoS: RO; Avtorji / Authors: Elsik Christine G., Tellam Ross L., Worley Kim C., Dovč Peter, Razpet Andrej	
	Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek	
2.	COBISS ID	30945497	Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO	Diacilirani lipopeptid bakterije <i>Mycoplasma synoviae</i> sproži imunski odgovor, ki ga inducira TLR15
		ANG	Diacylated lipopeptide from <i>Mycoplasma synoviae</i> mediates TLR15 induced innate immune responses
	Opis	SLO	Receptor TLR15 je značilen za ptice in doslej zanj še ni bil definiran ustrezen ligand. Po funkciji je ekvivalenten družini receptorjev TLR2 pri sesalcih, ki v sistemu naravne imunosti prepoznajo širok spekter molekularnih vzorcev mikroorganizmov, vključno z bakterijskimi lipoproteini. V naši raziskavi smo preučevali vlogo kokošjega receptorja TLR15 pri odzivu prirojene imunosti na patogeno bakterijo <i>Mycoplasma synoviae</i> (MS). Ugotovili smo, da okužba/tretiranje makrofagov in hondrocitov z bakterijo MS in specifično njenim N-terminalnim delom, diaciliranim lipopeptidom (MDLP), ki predstavlja amino konec proteina hemaglutinina MSPB, značilno poveča izražanje proteina TLR15 v celicah, ne pa tudi proteinov TLR1 in TLR2, ki skupaj s proteinom TLR15 spadajo v družino kokošjih receptorjev TLR2. Do aktivacije TLR15 pride samo z diacililirano ne pa z monoacilirano obliko lipopeptida. Aktivacija TLR15 po stimulaciji z MS, MSPB ali peptidom MDLP sproži povečano izražanje transkripcijskega dejavnika NF- $\kappa$ B ter sproščanje dušikovega oksida (NO). Obenem pa transfekcija ptičjih makrofagov z siRNA zmanjša izražanje TLR15 po stimulaciji celic z MS, kar vodi v zmanjšanje aktivacije imunskega odziva oz. sproščanja NO. Predhodna inkubacija celic protitelesi, specifičnimi za TLR15, zniža nivo sinteze NO, inducirane z MDLP. Povzeto, vsi naši rezultati kažejo na to, da je diacilirani N-terminalni del hemaglutinina MSPB ligand za TLR15 ter da je njuna vezava tisti mehanizem, ki omogoča aktivacijo prirojenega imunskega odziva proti ptičji mikoplazmi <i>Mycoplasma synoviae</i> .

		<p>utilizes to recognize a broad spectrum of microbe-associated molecular patterns, including bacterial lipoproteins. In this study we examined the role of chicken TLR2 family members in the innate immune response to the avian pathogenic bacterium, <i>Mycoplasma synoviae</i>. We found that <i>Mycoplasma synoviae</i>, and specifically the N-terminal diacylated lipopeptide (MDLP) representing the amino-terminal portion of its mature haemagglutinin protein, significantly induces the expression of TLR15, but not TLR1 and TLR2 in chicken macrophages and chondrocytes. TLR15 activation is specific and depends on diacylation of the lipopeptide. Activation of TLR15 after stimulation with <i>Mycoplasma synoviae</i> and MDLP triggers an increase in the expression of transcription factor nuclear factor kappa B and nitric oxide production. Moreover, transfection of avian macrophage cells with small interfering RNA reduces the expression of TLR15 after stimulation with MDLP. This leads to decreased activation of the innate immune response, as measured by nitric oxide production. Additionally, pretreatment of cells with neutralizing anti-TLR15 antibody results in a notable attenuation of MDLP-driven release of nitric oxide. This positive correlation may constitute a mechanism for stimulating the innate immune response against avian mycoplasmas in chicken cells via TLR15.</p>	
	ANG		
	Objavljeno v	EDP sciences;BioMed Central; Veterinary research; 2013; Vol. 44, iss. 3; art. 99, str. 1-11; Impact Factor: 3.383;Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 1.019; A": 1;A': 1; Avtorji / Authors: Oven Irena, Resman Rus Katarina, Dušanić Daliborka, Benčina Dušan, Keeler Calvin L., Narat Mojca	
	Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek	
3.	COBISS ID	3249544	Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO	Genomsko in silico presejavanje variabilnih mest v miRNA genih pri domačih živalih
		ANG	Genome-wide in silico screening for microRNA genetic variability in livestock species
	Opis	SLO	Nadgradili in razširili smo bioinformacijsko orodje microRNA SNIPer, ki je bilo prvotno objavljeno v letu 2012 in omogoča iskanje genetske variabilnosti znotraj mikro RNA genov pri vretenčarjih. V novi verziji (verzija 3) smo vključili nove živalske vrste in izdelali katalog genetske variabilnosti za domače živali. Orodje sedaj omogoča iskanje genetske variabilnosti znotraj mikro RNA za 16 vrst, vključno za 4 vrste domačih živali: prašič, konj, govedo in kokoš. Izdelani katalog bo služil kot osnova za razvijanje novih biooznačevalcev v živinoreji.
		ANG	We upgraded and expanded bioinformatic tool MicroRNA Sniper, which was first published in 2012 and enables search for genetic variation within micro-RNA genes in vertebrates. In the new version (version 3) we included a new species and produced a catalog of genetic variability for domestic animal species. The tool now allows the search for genetic variation within micro-RNA for 16 species, including four species of domestic animals: pigs, horses, cattle and chicken. Designed catalogue will serve as a basis for developing new biomarkers in animal husbandry.
	Objavljeno v	Blackwell Scientific Publications; Animal genetics; 2013; Vol. 44, no. 6; str. 669-677; Impact Factor: 2.210;Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 0.937; A': 1; WoS: AD, KM; Avtorji / Authors: Jevšinek Skok Daša, Godnič Irena, Zorc Minja, Horvat Simon, Dovč Peter, Kovač Milena, Kunej Tanja	
	Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek	
4.	COBISS ID	3085960	Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO	DEPTOR samostojno uravnava adipogenezo, njegovo izražanje je povezano

		z debelostjo
	ANG	DEPTOR cell-autonomously promotes adipogenesis, and its expression is associated with obesity
Opis	SLO	DEPTOR (protein, ki deluje na mTOR in vsebuje DEP domeno) inhibira rapamticin (mTOR), vendar njegova funkcija in vivo ni znana. Predhodne raziskave nakazujejo, da je Deptor del QTL Fob3a, ki je povezan z debelostjo pri miših, kjer je izražanje Deptor proteina povišano v maščobnem tkivu debelih živali. To je presenetljivo, ker ima mTOR pozitivno vlogo pri preprečevanju nalaganja maščobe. Deptor je najverjetnejši kandidat znotraj Fob3a QTL, saj se transgene miši, ki izražajo velike količine Deptor-ja bolj zamastijo. Tudi pri človeku je izražanje Deptor-ja povezano z debelostjo. Izražanje Deptor-ja stimulirajo glukokortikoidi in tem zamaščevanje, supresija Deptor-ja pa zavira adipogenezo. DEPTOR aktivira Akt/PKB-PPAR gama os preko blokade mTORC1 regulacije inzulinske signalizacije. DEPTOR je nov regulator adipogeneze.
	ANG	DEP domain-containing mTOR-interacting protein (DEPTOR) inhibits the mechanistic target of rapamty-cin (mTOR), but its in vivo functions are unknown. Previous work indicates that Deptor is part of the Fob3a quantitative trait locus (QTL) linked to obesity/leanness in mice, with Deptor expression being elevated in white adipose tissue (WAT) of obese animals. This relation is unexpected, considering the positive role of mTOR in adipogenesis. Here, we dissected the Fob3a QTL and show that Deptor is the highest-priority candidate promoting WAT expansion in this model. Consistently, transgenic mice overexpressing DEPTOR accumulate more WAT. Furthermore, in humans, DEPTOR expression in WAT correlates with the degree of obesity. We show that DEPTOR is induced by glucocorticoids during adipogenesis and that its overexpression promotes, while its suppression blocks, adipogenesis. DEPTOR activates the proadipogenic Akt/PKB-PPAR- $\gamma$ axis by dampening mTORC1-mediated feedback inhibition of insulin signaling. These results establish DEPTOR as a new regulator of adipogenesis.
Objavljeno v		Cell Press; Cell metabolism; 2012; Vol. 16, no. 2; str. 202-212; Impact Factor: 14.619; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 3.278; A": 1; A': 1; WoS: DR, IA; Avtorji / Authors: Laplante Mathieu, Horvat Simon, Festuccia William T., Birsoy Kivanc, Prevorsek Zala, Efeyan Alejo, Sabatini David M.
Tipologija		1.01 Izvirni znanstveni članek
5.	COBISS ID	3345544   Vir: COBISS.SI
Naslov	SLO	Molekulska filogenija postvi na osnovi jedrnih označevalcv na področju zahodnega Balkana
	ANG	Molecular phylogeny of Salmo of the western Balkans, based upon multiple nuclear loci
Opis	SLO	Filogenija na osnovi jdrnih označevalcev kaže dobro ujemanje s filogenijo postrvi na osnovi mtDNA. Primerjava obeh setov podatkov kaže na vsaj štiri primere neujemanja, ki vsi izvirajo z območja Zahodnega Balkana. Skupaj z morfološki znaki postrvi na tem območju kažejo ti podatki na zanimivo in fragmentirano evlucijsko zgodovino rodu Salmo na Zahodnem Balkanu.
	ANG	Nuclear DNA-based results showed a fairly good match with the phylogeny of Salmo inferred from mtDNA analyses. The comparison of nDNA and mtDNA data revealed at least four cases of mitochondrial-nuclear DNA discordance observed that were all confined to the Adriatic basin of the Western Balkans. Together with the well-known extensive morphological and genetic variability of Balkan trouts, this observation highlights an

		interesting and variegated evolutionary history of Salmo in this area.
Objavljeno v		EDP sciences; Genetics selection evolution; 2014; Vol. 46, no. 7; str. 1-12; Impact Factor: 3.747; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 0.937; A": 1; A': 1; Avtorji / Authors: Pustovrh Gašper, Snoj Aleš, Sušnik Bajec Simona
Tipologija	1.01	Izvirni znanstveni članek

## 7. Najpomembnejši družbeno-ekonomski rezultati programske skupine<sup>6</sup>

	Družbeno-ekonomski dosežek	
1.	COBISS ID	Vir: vpis v poročilo
	Naslov	SLO Ziosovo priznanje dr. Simonu Horvatu
		ANG Zois Award to Dr. Simon Horvat
	Opis	SLO Zoisovo priznanje je bilo dr. Simonu Horvatu podeljeno za vrhunske znanstvene dosežke na področju genetike v zadnjih sedmih letih. Ministrstvo za visoko šolstvo, znanost in tehnologijo Republike Slovenije; 2013
		ANG Zois Award has been presented to Dr. Simon Horvat for outstanding achievements in the field of animal genetics in the period of the last seven years. Ministry of Higher education, Science and Technology of the Republic of Slovenia
	Šifra	E.01 Domače nagrade
	Objavljeno v	Delo, 22.11.2013
	Tipologija	3.25 Druga izvedena dela
2.	COBISS ID	3014280 Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO Atlas genov, ki so odgovorni za debelost pri sesalcih
		ANG Obesity gene atlas in mammals
	Opis	SLO Debelost pri ljudeh se je alarmantno povečala v zadnjih dveh desetletjih in postala ena izmed vodilnih javnih zdravstvenih težav po vsem svetu. Študije so pokazale veliko število genov / označevalcev, ki so povezani s pojavom debelosti in / ali z debelostjo povezanimi fenotipi, kar pomeni, da je treba nujno razviti osrednjo zbirko podatkov, da bomo bolje razumeli genetsko kompleksnost debelosti. V tej raziskavi smo zbrali skupaj 1,736 z debelostjo povezanih lokusov in osnovali prosto dostopno bazo podatkov, ki vključuje 1515 genov, ki kodirajo proteine in 221 microRNA (miRNA), zbranih pri štirih vrstah sesalcev: človek, govedo, podgana in miš. Ti lokusi so bili integrirani kot ortologi na osnovi primerjalnih map človeka, goveda in miši. Baza in genomske mape so prosto dostopni na spletnem naslovu: <a href="http://www.integratomics-time.com/fat_deposition">http://www.integratomics-time.com/fat_deposition</a> . Bioinformatična analiza zbranih podatkov je pokazala nekaj novih potencialnih molekularnih markerjev za debelost, ki predstavljajo osrednje točke za testiranje hipotez in bolj ciljno načrtovanje poskusov za nadaljnji študij. Menimo, da bo ta centralizirana baza podatkov olajšala komparativni pristop sistemske biologije k reševanju tega pomembnega zdravstvenega vprašanja pri ljudeh in odprla pot za nove aplikacije pri živalih.
		Obesity in humans has increased at an alarming rate over the past two decades and has become one of the leading public health problems worldwide. Studies have revealed a large number of genes/markers that are associated with obesity and/or obesity-related phenotypes, indicating an urgent need to develop a central database for helping the community understand the genetic complexity of obesity. In the present study, we



		collected a total of 1.736 obesity associated loci and created a freely available obesity database, including 1,515 protein-coding genes and 221 microRNAs (miRNA) collected from four mammalian species: human, cattle, rat and mouse. These loci were integrated as orthologs on comparative genomic views in human, cattle, and mouse. The database and genomic views are freely available online at: <a href="http://www.integratomicstime.com/fat_deposition">http://www.integratomicstime.com/fat_deposition</a> . Bioinformatics analyses of the collected data revealed some potential novel obesity related molecular markers which represent focal points for testing more targeted hypotheses and designing experiments for further studies. We believe that this centralized database on obesity and adipogenesis will facilitate development of comparative systems biology approaches to address this important health issue in human and their potential applications in animals.
	Šifra	F.15 Razvoj novega informacijskega sistema/podatkovnih baz
	Objavljeno v	Ivyspring International Publisher; Journal of genomics; 2013; Vol. 1; str. 45-55; Avtorji / Authors: Kunej Tanja, Jevšinek Skok Daša, Zorc Minja, Ogrinc Ana, Michal Jennifer J., Kovač Milena, Jiang Zhihua
	Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek
3.	COBISS ID	3012488 Vir: COBISS.SI
	Naslov	<i>SLO</i> Podatkovne zbirke in bioinformacijska orodja za raziskave mikro RNA <i>ANG</i> Databases and bioinformatic tools for miRNA research
	Opis	<i>SLO</i> V okviru spletne platforme Integratomicstime ( <a href="http://www.integratomicstime.com/">http://www.integratomicstime.com/</a> ) smo na spletu zbrali podatkovne zbirke in orodja, ki so namenjena raziskovalcem, ki se ukvarjajo s študijem epigenetskega uravnavanja delovanja genoma. Zbirka in orodja so prosto dostopna in nudijo uporabniku prijazno okolje za bioinformacijske analize. <i>ANG</i> The online platform Integratomicstime ( <a href="http://www.integratomicstime.com/">http://www.integratomicstime.com/</a> ) was established and offers data collections and bioinformatics tools for researchers working on epigenetic regulation of the genome. The database and tools are freely available and offer user-friendly environment for bioinformatics analysis.
	Šifra	F.16 Izboljšanje obstoječega informacijskega sistema/podatkovnih baz
	Objavljeno v	Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko; 2012; 65 str.; Avtorji / Authors: Kunej Tanja, Čeh Eva, Jevšinek Skok Daša, Ogorevc Jernej, Ferdin Jana, Godnič Irena, Zorc Minja, Dovč Peter
	Tipologija	2.02 Strokovna monografija
4.	COBISS ID	2741128 Vir: COBISS.SI
	Naslov	<i>SLO</i> SABRE delavnica: genomska selekcija <i>ANG</i> SABRE workshop: Genomic selection
	Opis	<i>SLO</i> Naša skupina je v sodelovanju z evropskim projektom SABRE (7.OP) organizirala industrijsko delavnico na temo genomske selekcije, ki je bila namenjena lokalnim deležnikom v živalski proizvodnji, predstavnikom vladnih organizacij in rejskih združenj. Dvodnevna delavnica je ponudila informativen pregled nad koncepti genomske selekcije in programskimi orodji, ki podpirajo obvladovanje velike količine informacij in oceno plemenskih vrednosti. <i>ANG</i> Our group organized together with the SABRE EU project (FP7) an industrial workshop which was dedicated to genomic selection and was organized for local stake holders in farm animal industry, governmental institutions and breeding associations. The two day workshop offered an informative overview on genomic selection concepts and software tools

		which support data managing and estimation of breeding values.
Šifra	F.18	Posredovanje novih znanj neposrednim uporabnikom (seminarji, forumi, konference)
Objavljeno v	2010; Avtorji / Authors: Dovč Peter	
Tipologija	3.15 Prispevek na konferenci brez natisa	
5.	COBISS ID	5586439   Vir: vpis v poročilo
Naslov	SLO	Članstvo uredniškem odboru revije Journal of Animal Breeding and genetics
	ANG	Member of the Editorial board of the Journal of Animal Breeding and Genetics
Opis	SLO	Peter Dovč je od leta 1998 član uredniškega odbora in recenzent revije JABG (Parey:Wiley), ki se uvršča v prvi kvartil revij na področju živalske genetike
	ANG	Peter Dovc is since 1998 member of the Editorial board and referee for the Journal of Animal Breeding and Genetics, which ranks amont upper 25% of journals in the field of animal genetics.
Šifra	C.06	Članstvo v uredniškem odboru
Objavljeno v	COBISS 5586439	
Tipologija	4.00 Sekundarno avtorstvo	

## 8. Drugi pomembni rezultati programske skupine<sup>2</sup>

Člani programske skupine so sodelovali pro irganizaciji nacionalnih znanstvenih srečanj z mednarodno udeležbo (Genetika 2009, Genetika 2012, SBD 2009, SBD2011, SBD2013)

Člani programske skupine sodelujejo pri izvajanju in vodenju dveh doktorskih programov: Biomedicina in Bioznanosti.

Člani programske skupine delujejo v komisijah in odborih, ki delujejo na področju zakonodaje, ki uravnava rabo enetike v medicini in delo z gensko spremenjenimi organizmi.

## 9. Pomen raziskovalnih rezultatov programske skupine<sup>3</sup>

### 9.1. Pomen za razvoj znanosti<sup>3</sup>

SLO

Programska skupina je na številnih področjih v samem vrhu raziskovanja. Področja, kjer aktivno doprinašamo k generiranju novega znanja so biologija laktacije, karakterizacija matičnih celic, proučevanje molekularnega ozadja debelosti, razvoj živalskih modelov za študij debelosti, razumevanje evolucijskega razvoja salmonidov v JV Evropi, imunogene determinante aviarnih in širše živalskih mikoplazem, Razvoj novih diagnostičnih metod v humani citogenetiki in rekonstrukcija zgodovine pasem domačih živali. Na področju genomskega raziskav se vključujemo v večje konzorcije in tam s svojim znanjem o genetskem ozadju kompleksnih lastnosti doprinašamo k generiranju novega znanja.

ANG

Program group is in many areas at the forefront of research. Areas where active contribute to the generation of new knowledge are lactation biology, stem cell characterization, the study of the molecular background of obesity, the development of animal models for the study of obesity, understanding the evolutionary development of Salmonids in Southeastern Europe, immunogenic determinants of avian and wider animal mycoplasmas, development of new diagnostic methods in human cytogenetics and reconstruction of the history of breeds of domestic animals. In the field of genomics research we are included in the larger consortia and there with their knowledge of the genetic background of complex traits we contribute to the generation of new knowledge.

**9.2. Pomen za razvoj Slovenije<sup>10</sup>**

SLO

Pomen programske skupine za Slovenijo je v prenosu vrhunskega znanja v lokalno okolje in v aplikaciji znanja v praksi in posredovanju metodoloških novosti različnim uporabnikom. Preko objavljanja naših rezultatov doprinašamo tudi h krepitvi ugleda slovenske znanosti v svetu. Naši študentje, ki uspešno nadaljujejo znanstveno kariero v tujini so naši ambasadorji in pomembni nosilci stikov z raziskovalnimi inštitucijami v tujini. Programska skupina tudi konkretno stalno skrbi za napredek diagnostičnih potopkov v medicini in za stalno posodabljanje metod, ki jih uporabljamo za upravljanje z genskimi viri in za izboljšanje genetske baze domačih živali.

ANG

The importance of the program group for Slovenia is in the transfer of cutting-edge expertise in the local environment and in the application of knowledge in practice and transfer of methodological innovations for different end-users. Through the publication of our results we contribute also to strengthening the reputation of Slovenian science in the world. Our students who successfully pursue a scientific career abroad are our ambassadors and important contact points at research institutions abroad. The program group also specifically provides continuous progress in medical diagnostic procedures and constantly updates methods that are used for the management of genetic resources and to improve the genetic basis of domestic animals.

**10. Zaključena mentorstva članov programske skupine pri vzgoji kadrov v obdobju 1.1.2009-31.12.2014<sup>11</sup>****10.1. Diplome<sup>12</sup>**

vrsta usposabljanja	število diplom
bolonjski program - I. stopnja	27
bolonjski program - II. stopnja	6
univerzitetni (stari) program	

**10.2. Magisterij znanosti in doktorat znanosti<sup>13</sup>**

Šifra raziskovalca	Ime in priimek	Mag.	Dr.	MR	
30767	Jana Ferdin	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	
30738	Gašper Pustovrh	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	
32581	Minja Zorc	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	
27545	Rebeka Lucijana Berčič	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	
28398	Jana Frank	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	
31912	Nina Cirkvenčič	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	
31911	Eva Čeh	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	
29431	Daliborka Dušanić	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	
29432	Rok Keber	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	
28505	Jernej Ogorevc	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	
29433	Anja Palandačič	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	
27547	Zala Prevorsek	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	
28506	Urška Sivka	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	
28404	Katja Žerjavič	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	
29430	Ivanka Cizelj	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	

Legenda:

**Mag.** - Znanstveni magisterij  
**Dr.** - Doktorat znanosti  
**MR** - mladi raziskovalec

### 11. Pretok mladih raziskovalcev – zaposlitev po zaključenem usposabljanju<sup>14</sup>

Šifra raziskovalca	Ime in priimek	Mag.	Dr.	Zaposlitev	
30738	Gašper Pustovrh	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	C - Gospodarstvo	
32581	Minja Zorc	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	C - Gospodarstvo	
30767	Jana Ferdin	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	C - Gospodarstvo	
28398	Jana Frank	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	E - Tujina	
27545	Rebeka Lucijana Berčič	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	E - Tujina	
31912	Nina Cirkvenčič	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	F - Drugo	
31911	Eva Čeh	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	C - Gospodarstvo	
29431	Daliborka Dušanić	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	C - Gospodarstvo	
29432	Rok Keber	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	E - Tujina	
28505	Jernej Ogorevc	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	A - raziskovalni zavodi	
29433	Anja Palandačič	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	E - Tujina	
27547	Zala Prevoršek	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	A - raziskovalni zavodi	
28506	Urška Sivka	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	C - Gospodarstvo	
28404	Katja Žerjavič	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	F - Drugo	
29430	Ivanka Cizelj	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	A - raziskovalni zavodi	

Legenda zaposlitev:

**A** - visokošolski in javni raziskovalni zavodi  
**B** - gospodarstvo  
**C** - javna uprava  
**D** - družbene dejavnosti  
**E** - tujina  
**F** - drugo

### 12. Vključenost raziskovalcev iz podjetij in gostovanje raziskovalcev, podoktorandov ter študentov iz tujine, daljše od enega meseca, v obdobju 1.1.2009-31.12.2014

Šifra raziskovalca	Ime in priimek	Sodelovanje v programski skupini	Število mesecev	
0	Valentino Držaič	C - študent – doktorand	4	
0	Valeria Baldo	C - študent – doktorand	6	
0	Saša Marić	D - podoktorand	10	
0	Nikola Adamov	C - študent – doktorand	9	
0	Tomaž Bevc	C - študent – doktorand	4	
0	Biljana Rogič	D - podoktorand	1	
0	Mateja Janeš	C - študent – doktorand	4	

Legenda sodelovanja v programski skupini:

- A** - raziskovalec/strokovnjak iz podjetja
- B** - uveljavljeni raziskovalec iz tujine
- C** - študent – doktorand iz tujine
- D** - podoktorand iz tujine

### **13. Vključevanje v raziskovalne programe Evropske unije in v druge mednarodne raziskovalne in razvojne programe ter drugo mednarodno sodelovanje v obdobju 1.1.2009-31.12.2014<sup>15</sup>**

SLO

EADGENE (European Animal Disease Genomics Network of Excellence): mreža odličnosti, v kateri je programska skupina sodelovala v letih 2004-2010. Skupaj s 13 partnerji iz 10 držav smo delovali predvsem v delovni skupini za mastitis in bili nosilci delovnega svežnja za diseminacijo rezultatov.

EADGENE\_S (Strengthening the implementation of durable integration in FP6 Networks of Excellence): nadaljevanje dela mreže odličnosti v letih 2011-2013.

BERST: Programska skupina sodeluje v EU projektu v okviru 7FP, ki je usmerjen v povezovanje in razvoj strategij tehnološkega razvoja bio-regij. Programska skupina znotraj projekta sodeluje v aktivnostih, ki promovirajo biodiverzitetu kot pomemben ekonomski faktor.

Programska skupina je sodelovala v projektnem predlogu SustainaBee, ki je usmerjen v uporabo genomskih orodij za analizo populacij medonosne čebele in učinkovitejšo selekcijo čebel

na boljšo odpornost proti škodljivcem (Koordinator Sara Botti, PTP, Italija). Projekt je zaradi pritožbe kordinatorja v ponovni evalvaciji.

Programska skupina sodeluje v prijavi projekta TREASURE na temo lokalnih pasem prašičev in tradicionalnih produktov iz njihovega mesa (koordinator Meta Čandek Potokar, KIS, Ljubljana). Projekt je bil odobren in se bo začel izvajati 1. aprila 2015.

Programska skupina sodeluje pri predlogu novega COST projekta, ki je namenjen mreženju genomskih laboratorijev z namenom izboljšanja postopkov za anotacijo živalskih genomov (koordinator Alan Archibald, Roslin Institute, U.K).

Programska skupina je prišla v drugo fazo s projektnim predlogom ARIMNET FENDISEASE, ki ga koordinira prof. dr. Paolo Ajmone Marsan in Piacence.

### **14. Vključenost v projekte za uporabnike, ki so v obdobju trajanja raziskovalnega programa (1.1.2009-31.12.2014) potekali izven financiranja ARRS<sup>16</sup>**

SLO

Programska skupina je sodelovala kot akademski partner v projektu EUREKA Hemiron (4486), v katerem smo v obdobju med 2008 in 2011 proučevali možnosti za pridobivanje biološko vezanega železa iz prašičje klavnične krvi (dr. Peter Dovč).

V okviru programa Basileus smo aplicirali za izmenjavo učiteljev/raziskovalcev in doktorskih študentov. Realizirali smo samo izmenjavo študentov (Nikola Adamov), medtem ko na izmenjavo raziskovalcev še čakamo.

Člani programske skupine so imeli bilaateralne projekte z Argentino, Francijo, Japonsko, ZDA, Hrvaško, Bosno in Hercegovino, Črno goro, Srbijo in Rusko federacijo.

Sodelovanje v konzorciju za analize uravnoteženih kromosomskih preureditev: „Breakpoint Mapping Consortium.“, ki ga vodi profesor Niels Tommerup, Wilhelm Johannsen Centre for Functional Genome Research, Department of Cellular and Molecular Medicine (ICMM), University of Copenhagen, Danska.

Izven financiranja ARRS smo sodelovali na treh CRP projektih v okviru tematskega sklopa Zagotovimo si hrano za jutri.

Na osnovi direktnih pogodb o sodelovanju smo sodelovali z BIA Separations (prof. Mojca Narat) in Lek d. d.

Za naše konzervacijsko delo s populacijami postrvi na Zahodnem Balkanu smo dobili donacijo v višini 12.000€ od tvrdke Patagonia (dr. Aleš Snoj).

IRP-2013/01-04: Analiza kandidatnih genov pri razvoju planocelularnega karcinoma ustne votline in ustnega dela žrela (dr. Nadja Kokalj Vokač).

IRP-2013/02-05: Neinvazivno določanje aneuploidije v prenatalni diagnostiki z metodo digitalne verižne reakcije s polimerazo (dr. Boris Zagradišnik).

### 15. Ocena tehnološke zrelosti rezultatov raziskovalnega programa in možnosti za njihovo implementacijo v praksi (točka ni namenjena raziskovalnim programom s področij humanističnih ved)<sup>17</sup>

SLO

Ocenjujemo, da je tehnološka zrelost naših rezultatov dosegla stopnjo, ko bi bil prenos znanja v visoko tehnološko firmo, ki bi morala vsaj v začetku preživeti na osnovi projektnega financiranja tehnološkega transferja, v nekaj letih pa bi si lahko zagotovila nekaj produktov, ki bi ji omogočali preživetje. Osnovna dejavnost bi bila usmerjena v molekularno diagnostiko in razvoj markerjev za napoved fenotipskih lastnosti ter spremljanje naravnih in gojenih populacij. Drug del proizvodnega spektra bi lahko predstavljali živalski modeli za biomedicinske raziskave, proizvodnja diagnostičnih protiteles in razvoj novih testov za veterinarsko medicino.

### 16. Ocenite, ali bi doseženi rezultati v okviru programa lahko vodili do ustanovitve spin-off podjetja, kolikšen finančni vložek bi zahteval ta korak ter kakšno infrastrukturo in opremo bi potrebovali

možnost ustanovitve spin-off podjetja	<input checked="" type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
potrebni finančni vložek	900.000 EUR
ocena potrebne infrastrukture in opreme <sup>18</sup>	Osnovna laboratorijska oprema, aparat za sekvenciranje DNA, qPCR, celični laboratorij, laboratorij za živalsko transgenezo in manjša kolonija za laboratorijske živali

### 17. Izjemni dosežek v letu 2014<sup>19</sup>

#### 17.1. Izjemni znanstveni dosežek

Kot izjemni znanstveni dosežek izpostavljam objavo članka:

PUSTOVRH, Gašper, SNOJ, Aleš, SUŠNIK BAJEC, Simona. Molecular phylogeny of Salmo of the western Balkans, based upon multiple nuclear loci. Genetics selection evolution, ISSN 1297-9686. [Online ed.], 2014, vol. 46, no. 7, str. 1-12. <http://dx.doi.org/10.1186/1297-9686-46-7>, doi: 10.1186/1297-9686-46-7. [COBISS.SI-ID 3345544]

Ta dosežek izpostavljam, ker je bil objavljen v reviji z navišjim faktorjem vpliva na področju in ker predstavlja zaključek daljšega cikla raziskav postrvi na Balkanu.

#### 17.2. Izjemni družbeno-ekonomski dosežek

Kot izjemen družbeno ekonomski dosežek v letu 2014 izpostavljam vodenje skupine študentov biotehnologije v okviru akcije Po praktični poti do znanja, ki so praktični del usposabljanja izvajali v farmacevtski družbi Lek, univerzitetni mentor pa je bil raziskovalec iz naše programske skupine (prof. Mojca Narat).

## C. IZJAVE

Podpisani izjavljam/o, da:

- so vsi podatki, ki jih navajamo v poročilu, resnični in točni;
- se strinjamo z obdelavo podatkov v skladu z zakonodajo o varstvu osebnih podatkov za potrebe ocenjevanja in obdelavo teh podatkov za evidence ARRS;
- so vsi podatki v obrazcu v elektronski obliki identični podatkom v obrazcu v papirnati obliki;
- so z vsebino poročila seznanjeni in se strinjajo vsi izvajalci raziskovalnega programa.

**Podpisi:**

*zastopnik oz. pooblaščen oseba  
matične RO (JRO in/ali RO s  
koncesijo):*

in

*vodja raziskovalnega programa:*

Univerza v Ljubljani, Biotehniška  
fakulteta

Peter Dovč

### ŽIG

Kraj in datum:

Ljubljana,

16.3.2015

**Oznaka poročila: ARRS-RPROG-ZP-2015/159**

<sup>1</sup> Napišite povzetek raziskovalnega programa v slovenskem jeziku (največ 3.000 znakov vključno s presledki – približno pol strani, velikost pisave 11) in angleškem jeziku (največ 3.000 znakov vključno s presledki – približno pol strani, velikost pisave 11). [Nazaj](#)

<sup>2</sup> Napišite kratko vsebinsko poročilo, v katerem predstavite raziskovalno hipotezo in opis raziskovanja. Navedite ključne ugotovitve, znanstvena spoznanja, rezultate in učinke raziskovalnega programa in njihovo uporabo ter sodelovanje s tujimi partnerji. V primeru odobrenega povečanja obsega financiranja raziskovalnega programa v letu 2014 mora poročilo o realizaciji programa dela zajemati predložen program dela ob prijavi in predložen dopolnjen program dela v letu 2014. Največ 12.000 znakov vključno s presledki (približno dve strani, velikosti pisave 11). [Nazaj](#)

<sup>3</sup> Realizacija raziskovalne hipoteze. Največ 3.000 znakov vključno s presledki (približno pol strani, velikosti pisave 11). [Nazaj](#)

<sup>4</sup> V primeru bistvenih odstopanj in sprememb od predvidenega programa dela raziskovalnega programa, kot je bil zapisan v predlogu raziskovalnega programa oziroma v primeru sprememb, povečanja ali zmanjšanja sestave programske skupine v zadnjem letu izvajanja raziskovalnega programa, napišite obrazložitev. V primeru, da sprememb ni bilo, navedite: "Ni bilo sprememb.". Največ 6.000 znakov vključno s presledki (približno ena stran, velikosti pisave 11). [Nazaj](#)

<sup>5</sup> Navedite znanstvene dosežke (največ pet), ki so nastali v okviru izvajanja raziskovalnega programa. Raziskovalni dosežek iz obdobja izvajanja programa vpišete tako, da izpolnite COBISS kodo dosežka – sistem nato sam izpolni naslov objave, naziv, IF in srednjo vrednost revije, naziv FOS področja ter podatek, ali je dosežek uvrščen v A'' ali A'. [Nazaj](#)

<sup>6</sup> Navedite družbeno-ekonomske dosežke (največ pet), ki so nastali v okviru izvajanja raziskovalnega programa. Družbeno-ekonomski dosežek iz obdobja izvajanja programa vpišete tako, da izpolnite COBISS kodo dosežka – sistem nato sam izpolni naslov objave, naziv, IF in srednjo vrednost revije, naziv FOS področja ter podatek, ali je dosežek uvrščen v A'' ali A'.

Družbeno-ekonomski dosežek je po svoji strukturi drugačen kot znanstveni dosežek. Povzetek znanstvenega dosežka je praviloma povzetek bibliografske enote (članka, knjige), v kateri je dosežek objavljen.

Povzetek družbeno-ekonomskega dosežka praviloma ni povzetek bibliografske enote, ki ta dosežek dokumentira, ker je dosežek sklop več rezultatov raziskovanja, ki je lahko dokumentiran v različnih bibliografskih enotah. COBISS ID zato ni enoznačen, izjemoma pa ga lahko tudi ni (npr. prehod mlajših sodelavcev v gospodarstvo na pomembnih raziskovalnih nalogah, ali ustanovitev podjetja kot rezultat programa ... - v obeh primerih ni COBISS ID). [Nazaj](#)

<sup>7</sup> Navedite rezultate raziskovalnega programa iz obdobja izvajanja programa v primeru, da katerega od rezultatov ni mogoče navesti v točkah 6 in 7 (npr. ker se ga v sistemu COBISS ne vodi). Največ 2.000 znakov vključno s presledki (približno 1/3 strani, velikost pisave 11). [Nazaj](#)

<sup>8</sup> Pomen raziskovalnih rezultatov za razvoj znanosti in za razvoj Slovenije bo objavljen na spletni strani: <http://www.sicris.si/> za posamezen program, ki je predmet poročanja. [Nazaj](#)

- <sup>9</sup> Največ 4.000 znakov vključno s presledki (približno 2/3 strani, velikost pisave 11). [Nazaj](#)
- <sup>10</sup> Največ 4.000 znakov vključno s presledki (približno 2/3 strani, velikost pisave 11). [Nazaj](#)
- <sup>11</sup> Upoštevajo se le tiste diplome, magisteriji znanosti in doktorati znanosti (zaključene/i v obdobju 1.1.2009–31.12.2014), pri katerih so kot mentorji sodelovali člani programske skupine. [Nazaj](#)
- <sup>12</sup> Vpišite število opravljenih diplom v času izvajanja raziskovalnega programa glede na vrsto usposabljanja. [Nazaj](#)
- <sup>13</sup> Vpišite šifro raziskovalca in/ali ime in priimek osebe, ki je v času izvajanja raziskovalnega programa pridobila naziv magister znanosti in/ali doktor znanosti ter označite doseženo izobrazbo. V primeru, da se je oseba usposabljala po programu Mladi raziskovalci, označite "MR". [Nazaj](#)
- <sup>14</sup> Za mlade raziskovalce, ki ste jih navedli v tabeli 11.2. točke (usposabljanje so uspešno zaključili v obdobju od 1.1.2009 do 31.12.2014), izberite oz. označite, kje so se zaposlili po zaključenem usposabljanju. [Nazaj](#)
- <sup>15</sup> Navedite naslove projektov in ime člana programske skupine, ki je bil vodja/koordinator navedenega projekta. Največ 6.000 znakov vključno s presledki (približno ena stran, velikosti pisave 11). [Nazaj](#)
- <sup>16</sup> Navedite naslove projektov, ki ne sodijo v okvir financiranja ARRS (npr: industrijski projekti, projekti za druge naročnike, državno upravo, občine idr.) in ime člana programske skupine, ki je bil vodja/koordinator navedenega projekta. Največ 6.000 znakov vključno s presledki (približno ena stran, velikosti pisave 11). [Nazaj](#)
- <sup>17</sup> Opišite možnosti za uporabo rezultatov v praksi. Opišite izdelke oziroma tehnologijo in potencialne trge oziroma tržne niše, v katere sodijo. Ocenite dodano vrednost izdelkov, katerih osnova je znanje, razvito v okviru programa oziroma dodano vrednost na zaposlenega, če jo je mogoče oceniti (npr. v primerih, ko je rezultat izboljšava obstoječih tehnologij oziroma izdelkov). Največ 3.000 znakov vključno s presledki (približno pol strani, velikosti pisave 11). [Nazaj](#)
- <sup>18</sup> Največ 1.000 znakov vključno s presledki (približno 1/6 strani, velikost pisave 11) [Nazaj](#)
- <sup>19</sup> Navedite en izjemni znanstveni dosežek in/ali en izjemni družbeno-ekonomski dosežek raziskovalnega programa v letu 2014 (največ 1000 znakov, vključno s presledki, velikost pisave 11). Za dosežek pripravite diapozitiv, ki vsebuje sliko ali drugo slikovno gradivo v zvezi z izjemnim dosežkom (velikost pisave najmanj 16, približno pol strani) in opis izjemnega dosežka (velikost pisave 12, približno pol strani). Diapozitiv/-a priložite kot prilonko/-i k temu poročilu. Vzorec diapozitiva je objavljen na spletni strani ARRS <http://www.rrs.gov.si/sl/gradivo/>, predstavitev dosežkov za pretekla leta pa so objavljena na spletni strani <http://www.rrs.gov.si/sl/analize/dosez/>. [Nazaj](#)

Obrazec: ARRS-RPROG-ZP/2015 v1.00b

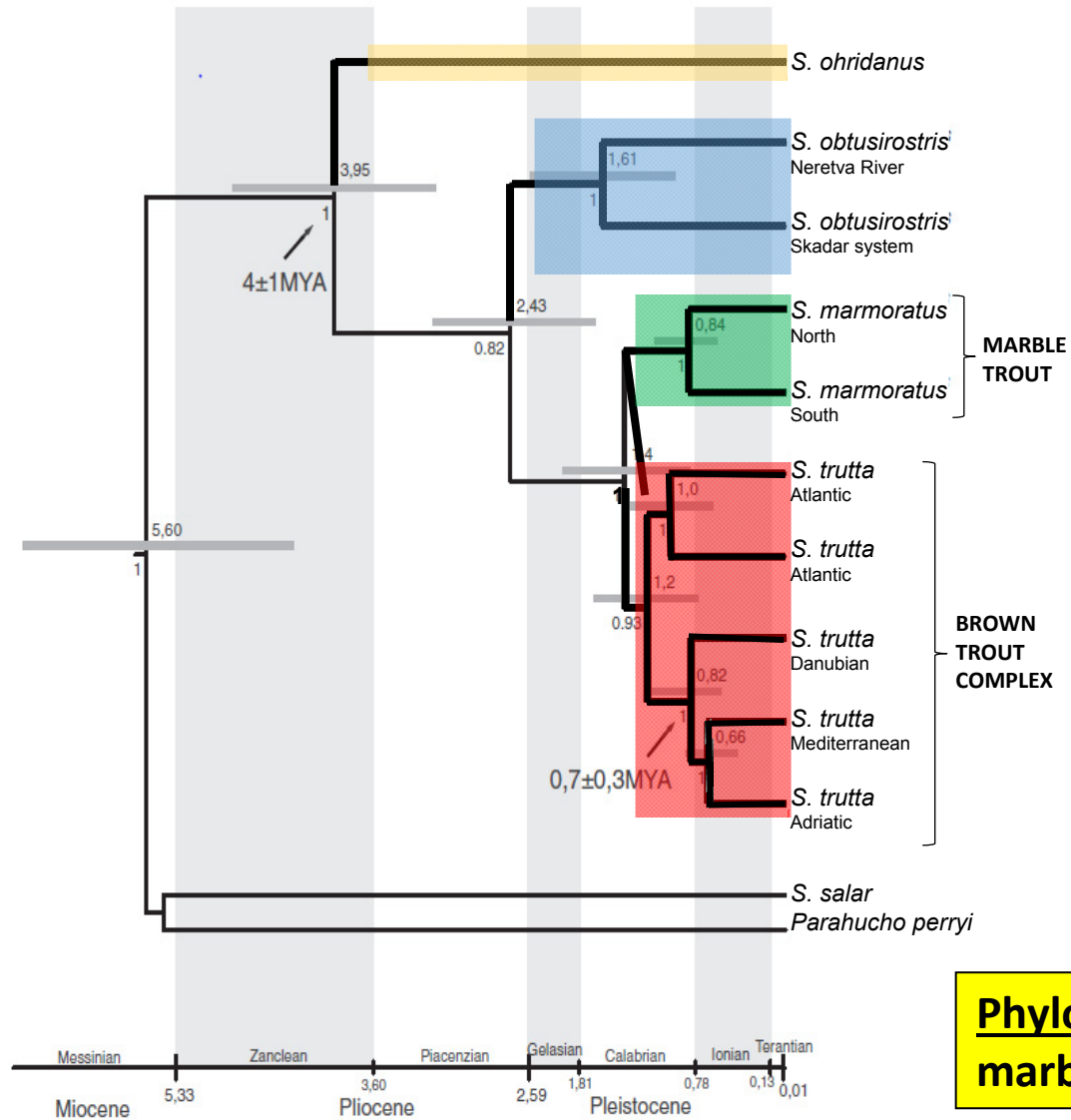
14-2C-19-B2-D8-EC-7B-31-93-DE-A0-DB-AB-68-51-B9-1A-A7-3B-69



## **Priloga 1**

# Molecular phylogeny of *Salmo* of the western Balkans, based upon multiple nuclear loci

PUSTOVRH, SNOJ, SUŠNIK BAJEC. A set of SNPs enabling identification of trouts and their hybrids in *Salmo* genus. *Conservation Genetics Resources*, 2011.



•Single nucleotide polymorphisms (SNPs) in nuclear DNA

•37 nDNA SNPs

•fluorescence-based competitive allele specific PCR technology (KASPar, Kbioscience)

•Molecular phylogeny of genus *Salmo* was studied

Marble trout was **with high statistic support** recognized as a real natural unit of the same rank as brown trout.

**Phylogenetic species concept: marble trout is a separate species!**

PUSTOVRH, SNOJ, SUŠNIK BAJEC. Molecular phylogeny of *Salmo* of the western Balkans, based upon multiple nuclear loci. *Genetics Selection Evolution*, 2014.