

Oznaka poročila: ARRS-RPROJ-ZP-2013/124



ZAKLJUČNO POROČILO RAZISKOVALNEGA PROJEKTA

A. PODATKI O RAZISKOVALNEM PROJEKTU

1. Osnovni podatki o raziskovalnem projektu

Šifra projekta	J1-2141
Naslov projekta	Regulatorna genomika: nastanek in evolucija kompleksnega transkripcijskega regulatornega omrežja pri vretenčarjih
Vodja projekta	7673 Dušan Kordiš
Tip projekta	J Temeljni projekt
Obseg raziskovalnih ur	4173
Cenovni razred	C
Trajanje projekta	05.2009 - 04.2012
Nosilna raziskovalna organizacija	106 Institut "Jožef Stefan"
Raziskovalne organizacije - soizvajalke	103 Univerza v Ljubljani, Fakulteta za kemijo in kemijsko tehnologijo
Raziskovalno področje po šifrantu ARRS	1 NARAVOSLOVJE 1.03 Biologija
Družbeno-ekonomski cilj	13.01 Naravoslovne vede - RiR financiran iz drugih virov (ne iz SUF)

2. Raziskovalno področje po šifrantu FOS¹

Šifra	1.06
- Veda	1 Naravoslovne vede
- Področje	1.06 Biologija

B. REZULTATI IN DOSEŽKI RAZISKOVALNEGA PROJEKTA

3. Povzetek raziskovalnega projekta²

SLO

Prevladujoča komponenta transkripcijskih faktorjev (TF) pri eukariontih so proteini, ki vsebujejo cinkove prste (ZNF). Za kopenske vretenčarje so specifični KRAB-ZNF proteini, pri katerih je močna represorska domena (KRAB) povezana z ZNF proteinom. KRAB-ZNF proteini (>400

genov pri človeku) predstavljajo največjo skupino ZNF proteinov pri sesalcih. KRAB-ZNF proteini imajo izjemno pomembne vloge pri diferenciaciji in proliferaciji celic, apoptozi, neoplastični transformaciji ter pri razvoju organov. Nastanek in razvoj transkripcijskih represorjev je bil verjetno ključen za nastanek regulatornih in bioloških razlik, ki so specifične za sesalce. Vendar pa so mehanizmi nastanka transkripcijsko regulatornega omrežja transkripcijskih represorjev pri vretenčarjih še neznani, in sicer kako je nastalo, se razvijalo in zakaj se je tako močno povečalo pri sesalcih. Določene značilnosti DNA vezavnih (ZNF) in efektorskih (SCAN in KRAB) domen so bile verjetno odgovorne za nastanek regulatornega omrežja in za izjemno povečanje kompleksnosti in števila teh TF. Da bi odkrili mehanizme vključene v nastanek in ekspanzijo te ogromne družine transkripcijskih represorjev ter pojasnili funkcionalne posledice oz. prednosti njihove ekspanzije smo izvedli doslej največjo in najbolj detaljno komparativno/evolucijsko genomsko analizo te TF družine v številnih vretenčarskih genomih. Za analizo te ogromne družine transkripcijskih represorjev smo uporabili naslednje pristope. Izvedli smo obsežno filogenomsko analizo genov, ki kodirajo transkripcijske represorje in sicer v genomih ključnih skupin kopenskih vretenčarjev (dvoživke, plazilci, ptiči in sesalci; analizirali smo >70 različnih genomov). Analizirali smo arhitekturo domen pri teh TF, genomsko organizacijo genskih lokusov, ki kodirajo transkripcijske represorje ter kromosomske položaje teh TF. V genomih ključnih skupin kopenskih vretenčarjev smo analizirali nastanek in evolucijo DNA vezavnih (ZNF) in efektorskih (SCAN in KRAB) domen. Nastanek, velikost in razširjenost posameznih poddružin transkripcijskih represorjev smo analizirali v genomih ključnih skupin kopenskih vretenčarjev. Raziskali smo vlogo in vpliv *de novo* eksonizacije efektorskih domen v genomih ključnih skupin kopenskih vretenčarjev. Pri delu smo uporabljali najnovejše raziskovalne metode in tehnologije evolucijske in komparativne genomike (filogenomske analize, paleogenomske analize ter pristop »planetarne biologije«). Rezultati projekta so omogočili pojasnitev nastanka transkripcijskih represorjev pri vretenčarjih (zakaj, kdaj, kje in kako), njihove evolucije, funkcionalne diverzifikacije in ekspanzije, ki je omogočila nov način regulacije transkripcije in je privedla do izjemne diverzifikacije regulatornega omrežja pri vretenčarjih.

ANG

Zinc finger proteins (ZNF) are widespread components of transcription factors (TF) in all eukaryotes. KRAB-ZNF proteins, in which a potent repressor domain is attached to a tandem array of DNA binding ZNF motifs, are specific to tetrapods and are the largest class of ZNF proteins in mammals (>400 genes in human genome). KRAB-ZNF proteins play important roles in regulating pluripotency of embryonic stem cells, cell differentiation and proliferation, apoptosis, neoplastic transformation and organ development. The acquisition of lineage- and species-specific transcriptional repressors may hold the key to understanding gene expression and biological differences that make humans/mammals distinct from their closest relatives. The mechanisms by which transcriptional regulatory networks of transcriptional repressors in tetrapods originate, evolve and expand are still unknown. Particular characteristics of DNA binding (ZNF) and effector (KRAB and SCAN) domains might be responsible for their origin in tetrapods and for the massive increase in number and complexity. To unravel the mechanisms involved in the origin and expansion of the huge KRAB-ZNF family of transcriptional repressors and to obtain clues about the functional consequences or advantages of their expansion, we performed the largest and the most detailed comparative and evolutionary genomic analysis of this TF family in numerous tetrapod genomes. The following approaches have been used in the study of this huge family of transcriptional repressors. We performed an extensive phylogenomic analysis of transcriptional repressor genes in the genomes of the key tetrapods (amphibians, reptiles birds and mammals; >70 different species). Domain architecture, genomic organization of transcriptional repressor gene loci and their chromosomal localization have been analysed. The origin and evolution of DNA binding (ZNF) and effector domains (KRAB and SCAN) have been analysed in the key tetrapod lineages. The origin, size and distribution of diverse subfamilies of transcriptional repressors have also been analysed in the key tetrapod lineages. The role and impact of *de novo* exonization of effector domains in the key tetrapod lineages have been investigated. The latest methods and technologies of comparative and evolutionary genomics (e.g. phylogenomic analysis, paleogenomic analysis, »planetary biology« approach) have been used. The results of this project enabled the explanation of the origin of transcriptional repressors, their evolution, functional diversification and expansion that led to the huge diversification of regulatory networks in land vertebrates (tetrapods).

4. Poročilo o realizaciji predloženega programa dela na raziskovalnem projektu³

Opis raziskovanja

Transkripcijski represorji predstavljajo največjo skupino transkripcijskih faktorjev pri sesalcih in so v človeškem genomu zastopani z več kot 400 različnimi geni. Nastanek in razvoj transkripcijskih represorjev je bil verjetno ključen za nastanek regulatornih in bioloških razlik, ki so specifične za sesalce. Doslej so bili relativno dobro raziskani samo pri nekaj modelnih organizmih (človek, šimpanz, miš, podgana in pes), zato obstaja nepopolna in fragmentarna slika o transkripcijskih represorjih pri sesalcih in kopenskih vretenčarjih. Zato smo izvedli doslej največjo komparativno/evolucijsko genomsko analizo transkripcijskih represorjev v številnih vretenčarskih genomih. Pri delu smo uporabljali najnovejše raziskovalne metode in tehnologije evolucijske in komparativne genomike (filogenomske analize, paleogenomske analize in pristop »planetarne biologije«).

Ugotovljeni rezultati

Transkripcijske represorje smo iskali po genomih več kot 60 različnih sesalcev in ključnih skupin kopenskih vretenčarjev (dvoživk, ptičev in plazilcev). Našli smo več kot 10.000 genov, ki kodirajo transkripcijske represorje in spadajo v različne ortologne genske družine. S pomočjo filogenomske analize smo pridobili številne podatke o transkripcijskih represorjih, in sicer genomska zaporedja, strukture genov, genomske lokuse, položaje na kromosomih, proteinska zaporedja, kodirajoča in nekodirajoča zaporedja ter različne regulatorne regije. Nove transkripcijske represorje smo okarakterizirali iz sesalskih genomov ter iz genomov ključnih kopenskih vretenčarjev (dvoživk, ptičev in plazilcev). Strukturno organizacijo genov, ki kodirajo transkripcijske represorje smo analizirali pri sesalcih, amniotih in bazalnih tetrapodih. Genomsko organizacijo genskih lokusov, ki kodirajo transkripcijske represorje smo analizirali pri sesalcih, amniotih in bazalnih tetrapodih. Kromosomske položaje genov, ki kodirajo transkripcijske represorje smo analizirali pri sesalcih, amniotih in bazalnih tetrapodih.

Ortologne odnose med transkripcijskimi represorji pri sesalcih ter pri ključnih kopenskih vretenčarjih (dvoživkah, ptičih in plazilcih) smo ugotovili s pomočjo obsežnih evolucijskih analiz. Potek procesa *de novo* nastajanja genov, ki kodirajo transkripcijske represorje pri sesalcih smo ugotovili s pomočjo analize ortologov, paralogov in orfanov. Evolucijsko dinamiko genov, ki kodirajo transkripcijske represorje smo analizirali v sesalskih genomih (Prototheria, Metatheria in pri placentalnih sesalcih (Afrotheria, Xenarthra in Boreoeutheria), ter pri primatih) ter v genomih ključnih kopenskih vretenčarjev (dvoživk, ptičev in plazilcev). Celotne repertoarje transkripcijskih represorjev smo analizirali pri vseh skupinah sesalcev ter pri dvoživkah, ptičih in plazilcih.

Izvor, velikost in razširjenost različnih poddružin transkripcijskih represorjev smo analizirali v genomih sesalcev, ptičev, plazilcev in dvoživk. Časovno nastajanje genov, ki kodirajo transkripcijske represorje smo analizirali pri sesalcih (pri Prototheria, Metatheria, pri bazalnih placentalnih sesalcih (Afrotheria in Xenarthra) ter pri primatih). Nastanek in evolucijo DNA vezavnih (ZNF) in efektorskih domen (KRAB and SCAN) smo analizirali v genomih ključnih kopenskih vretenčarjev. Vlogo in vpliv *de novo* eksonizacije efektorskih domen (KRAB and SCAN) smo raziskali v genomih ključnih kopenskih vretenčarjev. Mehanizme, ki so privedli do nastanka, evolucije in ekspanzije regulatornega omrežja transkripcijskih represorjev smo raziskali pri kopenskih vretenčarjih. Funkcionalno diverzifikacijo in nastanek novih bioloških funkcij pri različnih genih, ki kodirajo transkripcijske represorje smo analizirali pri kopenskih vretenčarjih.

Uporaba rezultatov

Na novo pridobljeni podatki iz genomov ancestralnih sesalcev (Prototheria, Metatheria) in placentalnih nadredov (Afrotheria, Xenarthra in Boreoeutheria) so nam omogočili pojasniti evolucijske odnose pri različnih sesalskih transkripcijskih represorjih, ki so ključni za pojasnitev njihovega nastanka ter evolucijske dinamike. Pridobljeni rezultati so nam omogočili pojasniti nastanek transkripcijskih represorjev pri kopenskih vretenčarjih, njihovo evolucijo, funkcionalno diverzifikacijo in ekspanzijo, ki je omogočila nov način regulacije transkripcije in je privedla do izjemne diverzifikacije regulatornega omrežja pri kopenskih vretenčarjih. V naši obsežni zbirki transkripcijskih represorjev smo analizirali vse ortologe transkripcijskih represorjev pri sesalcih. Ortologni odnosi med transkripcijskimi represorji pri sesalcih so večinoma še neznan, saj je bilo doslej narejenih le nekaj manjših analiz. Poznavanje ortologije je zelo pomembno za funkcionalno anotacijo genomov, saj so ortologni geni nastali v skupnem predniku in imajo v glavnem isto ali podobno biološko funkcijo.

Analize pridobljenih podatkov so nam omogočile enkratno vpogled v nastanek in evolucijsko dinamiko poddružin ter različnih genov, ki kodirajo transkripcijske represorje in sicer: kako obsežen je bil nastanek genov, koliko je bilo podvajanj genov, obseg ortologije, obseg izgube genov in obseg vrstno-specifičnih ekspanzij. Pridobili smo globalni vpogled v intenzivnost evolucijske dinamike različnih poddružin transkripcijskih represorjev pri vseh glavnih skupinah sesalcev, in sicer pri stokovcih, vrečarjih, placentalnih sesalcih ter znotraj štirih nadredov placentalnih sesalcev. Analize transkripcijskih represorjev iz genomov dvoživk, plazilcev in ptičev so omogočile komparativno genomsko analizo teh genov ter primerjavo le teh z geni iz sesalcev. V genomih bazalnih kopenskih vretenčarjev smo raziskali celotne repertoarje transkripcijskih represorjev, kar nam je omogočilo nov pogled v nastanek največjega transkripcijskega regulatornega omrežja pri eukariontih. Podatki pridobljeni iz genomov dvoživk, plazilcev in ptičev so ključnega pomena za razumevanje nastanka transkripcijskih regulatornih omrežij pri kopenskih vretenčarjih, amniotih in sesalcih.

Iz celotnih repertoarjev transkripcijskih represorjev smo dobili številne doslej neznanе informacije o številu genov, ki kodirajo transkripcijske represorje, o velikosti različnih poddružin transkripcijskih represorjev, genomskih lokusih in strukturah genov, ki kodirajo transkripcijske represorje in sicer v predniku kopenskih vretenčarjev, v predniku amniotov ter v predniku zavropsidov. Evolucijska genomika celotnih repertoarjev transkripcijskih represorjev pri dvoživkah, plazilcih in ptičih po primerjavi z najstarejšim sesalskim genomom (kljunaš) je omogočila nov pogled na nastanek, rast, diverzifikacijo in evolucijo največjega transkripcijskega regulatornega omrežja pri eukariontih. Te analize so omogočile enkratno vpogled v nastanek in evolucijsko dinamiko poddružin ter različnih genov, ki kodirajo transkripcijske represorje (kako obsežen je bil nastanek genov, koliko je bilo podvajanj genov, obseg ortologije, obseg izgube genov in obseg vrstno-specifičnih ekspanzij (LSE)). Pridobili smo tudi globalni vpogled v intenzivnost evolucijske dinamike različnih poddružin transkripcijskih represorjev pri vseh glavnih skupinah sesalcev ter nov pogled na dolgoročno evolucijo, evolucijsko dinamiko in nastanek genov in poddružin transkripcijskih represorjev pri različnih skupinah sesalcev.

Nastanek in začetna ekspanzija regulatornega omrežja transkripcijskih represorjev je bila ključno povezana s SCAN domeno. Eksonizacija SCAN domene, ki je nastala iz ostankov LTR retrotranspozona Gmrl1 je bila odločilnega pomena za nastanek in začetno ekspanzijo regulatornega omrežja transkripcijskih represorjev. Arhitektura proteinskih domen pri transkripcijskih represorjih je modularna, in omogoča enostaven nastanek raznolikosti in kompleksnosti z rekombinacijo domen. DNA vezavna in efektorske domene v genih, ki kodirajo transkripcijske represorje so kodirane vsaka v svojem eksonu, zato se lahko hitro pojavijo v novih genih s pomočjo »exon shuffling-a«. Za razliko od DNA vezavnih domen, ki so nastale iz DNA transpozonov lahko SCAN dimerizacijska domena omogoča enostavno utišanje genov, ki je povezano z heterokromatinom in sicer prek interakcij med številnimi SCAN motivi, ki so razpršeni po genomih bazalnih tetrapodov in amniotov.

Glede na to, da imajo kopenski vretenčarji zelo veliko število različnih tipov celic ter novih tkiv bi lahko močno selektivna represija genov v novih tipih celic, tkivih in organih (ki so specifični za amniote) pomenila enkratno selektivno prednost za gene, ki kodirajo transkripcijske represorje (in vsebujejo dimerizacijsko SCAN domeno), kar bi privedlo do hitre adaptivne evolucije teh genov ter do nastanka velikega transkripcijskega regulatornega omrežja. Takšna hitra začetna rast velikega regulatornega omrežja (poganjanega s SCAN domeno) je bila najverjetneje odgovorna za uspeh prvih amniotov (zavzetje kopna) in pozneje sinapsidov in zavropsidov, ki so se zelo hitro in uspešno prilagajali (preko morfoloških, fizioloških, metabolnih in regulatornih sprememb) v močno spremenljivem okolju mezozoika (pred ~300-250 milijoni let). Naše analize so pokazale, da je pozneje pri sesalcih prišlo vsaj do treh velikih valov nastanka transkripcijskih represorjev, ki so imele najverjetneje zelo pomemben vpliv na fiziološke in metabolne prilagoditve sesalcev.

Sodelovanje s tujimi partnerji: ta raziskava je bila v celoti plod domačega znanja in ni predvidela sodelovanja s tujimi partnerji.

5. Ocena stopnje realizacije programa dela na raziskovalnem projektu in zastavljenih raziskovalnih ciljev⁴

Realizacija zastavljenih raziskovalnih ciljev je potekala skladno s predlogom. Več kot 10.000 genov, ki kodirajo transkripcijske represorje in spadajo v različne ortologne genske družine smo našli v številnih genomih sesalcev in ključnih skupinah kopenskih vretenčarjev. S pomočjo filogenomske analize smo pridobili številne podatke o transkripcijskih represorjih, in sicer genomska zaporedja, strukture genov, genomske lokuse, položaje na kromosomih, proteinska zaporedja, kodirajoča in nekodirajoča zaporedja ter različne regulatorne regije. Pridobili smo številne podatke o transkripcijskih represorjih, in sicer ortologne odnose med transkripcijskimi represorji pri sesalcih in ključnih kopenskih vretenčarjih, potek procesa *de novo* nastajanja genov, ki kodirajo transkripcijske represorje pri sesalcih, evolucijsko dinamiko transkripcijskih represorjev pri sesalcih in ključnih kopenskih vretenčarjih ter celotne repertoarje transkripcijskih represorjev pri sesalcih in ključnih kopenskih vretenčarjih. S pomočjo filogenomske in različnih evolucijskih analiz smo pridobili številne podatke o izvoru, velikosti in razširjenosti različnih poddružin transkripcijskih represorjev v genomih sesalcev, ptičev, plazilcev in dvoživk. Pridobljeni rezultati so nam omogočili časovno pojasniti nastajanja genov, ki kodirajo transkripcijske represorje pri sesalcih (pri Prototheria, Metatheria, pri bazalnih placentalnih sesalcih (Afrotheria in Xenarthra) ter pri primatih). Z analizo genomov ključnih kopenskih vretenčarjev smo pridobili številne podatke o nastanku in evoluciji DNA vezavnih (ZNF) in efektorskih domen (KRAB and SCAN). Vlogo in vpliv *de novo* eksonizacije efektorskih domen (KRAB and SCAN) smo raziskali v genomih ključnih kopenskih vretenčarjev. Mehanizme, ki so privedli do nastanka, evolucije in ekspanzije regulatornega omrežja transkripcijskih represorjev smo raziskali pri kopenskih vretenčarjih. Funkcionalno diverzifikacijo in nastanek novih bioloških funkcij pri različnih genih, ki kodirajo transkripcijske represorje smo analizirali pri kopenskih vretenčarjih. Pridobljeni rezultati so nam omogočili pojasniti nastanek transkripcijskih represorjev pri kopenskih vretenčarjih, njihovo evolucijo, funkcionalno diverzifikacijo in ekspanzijo, ki je omogočila nov način regulacije transkripcije in je privedla do izjemne diverzifikacije regulatornega omrežja pri kopenskih vretenčarjih.

6. Utemeljitev morebitnih sprememb programa raziskovalnega projekta oziroma sprememb, povečanja ali zmanjšanja sestave projektne skupine²

Ni bilo bistvenih odstopanj in sprememb od predvidenega programa raziskovalnega projekta.

7. Najpomembnejši znanstveni rezultati projektne skupine⁶

Znanstveni dosežek														
1.	<table border="1"> <tr> <td>COBISS ID</td> <td>25309479</td> <td>Vir: COBISS.SI</td> </tr> <tr> <td rowspan="2">Naslov</td> <td>SLO</td> <td>V predniku placentalnih sesalcev so na novo nastali številni introni</td> </tr> <tr> <td>ANG</td> <td>Extensive intron gain in the ancestor of placental mammals</td> </tr> <tr> <td rowspan="2">Opis</td> <td>SLO</td> <td>Za testiranje količine na novo nastalih intronov v genskih družinah, ki so specifične za placentalne sesalce smo analizirali tudi KRAB in SCAN ZNF gene (epigenetske represorje), še posebno tiste ortologne gene, ki so nastali v predniku placentalnih sesalcev (analizirali smo več kot 150 ortolognih genov). Analiza teh genov je pokazala, da količina na novo nastalih intronov pri teh genih ni tako velika kot v primeru domesticiranih genov in retrogenov, vendar pa smo vseeno prepoznali številne primere na novo nastalih intronov. Analiza domesticiranih genov, retrogenov in transkripcijskih faktorjev (epigenetskih represorjev), ki so vsi nastali v predniku placentalnih sesalcev (~200 analiziranih genov), je pokazala, da so v predniku placentalnih sesalcev na novo nastali številni introni ter da pri sesalcih še vedno na novo nastajajo introni. V tej študiji smo kot prvi dokazali obstoj številnih na novo nastalih intronov v predniku placentalnih sesalcev.</td> </tr> <tr> <td></td> <td>To test the extent of intron gain in placental-specific gene families the presence of intron gain has been analyzed in KRAB and SCAN ZNF genes, especially in those orthologous genes that originated in the ancestor of placentals (>150 orthologous genes were analyzed). The analysis has shown that the amount of intron gain in these genes is not as high as in the</td> </tr> </table>	COBISS ID	25309479	Vir: COBISS.SI	Naslov	SLO	V predniku placentalnih sesalcev so na novo nastali številni introni	ANG	Extensive intron gain in the ancestor of placental mammals	Opis	SLO	Za testiranje količine na novo nastalih intronov v genskih družinah, ki so specifične za placentalne sesalce smo analizirali tudi KRAB in SCAN ZNF gene (epigenetske represorje), še posebno tiste ortologne gene, ki so nastali v predniku placentalnih sesalcev (analizirali smo več kot 150 ortolognih genov). Analiza teh genov je pokazala, da količina na novo nastalih intronov pri teh genih ni tako velika kot v primeru domesticiranih genov in retrogenov, vendar pa smo vseeno prepoznali številne primere na novo nastalih intronov. Analiza domesticiranih genov, retrogenov in transkripcijskih faktorjev (epigenetskih represorjev), ki so vsi nastali v predniku placentalnih sesalcev (~200 analiziranih genov), je pokazala, da so v predniku placentalnih sesalcev na novo nastali številni introni ter da pri sesalcih še vedno na novo nastajajo introni. V tej študiji smo kot prvi dokazali obstoj številnih na novo nastalih intronov v predniku placentalnih sesalcev.		To test the extent of intron gain in placental-specific gene families the presence of intron gain has been analyzed in KRAB and SCAN ZNF genes, especially in those orthologous genes that originated in the ancestor of placentals (>150 orthologous genes were analyzed). The analysis has shown that the amount of intron gain in these genes is not as high as in the
COBISS ID	25309479	Vir: COBISS.SI												
Naslov	SLO	V predniku placentalnih sesalcev so na novo nastali številni introni												
	ANG	Extensive intron gain in the ancestor of placental mammals												
Opis	SLO	Za testiranje količine na novo nastalih intronov v genskih družinah, ki so specifične za placentalne sesalce smo analizirali tudi KRAB in SCAN ZNF gene (epigenetske represorje), še posebno tiste ortologne gene, ki so nastali v predniku placentalnih sesalcev (analizirali smo več kot 150 ortolognih genov). Analiza teh genov je pokazala, da količina na novo nastalih intronov pri teh genih ni tako velika kot v primeru domesticiranih genov in retrogenov, vendar pa smo vseeno prepoznali številne primere na novo nastalih intronov. Analiza domesticiranih genov, retrogenov in transkripcijskih faktorjev (epigenetskih represorjev), ki so vsi nastali v predniku placentalnih sesalcev (~200 analiziranih genov), je pokazala, da so v predniku placentalnih sesalcev na novo nastali številni introni ter da pri sesalcih še vedno na novo nastajajo introni. V tej študiji smo kot prvi dokazali obstoj številnih na novo nastalih intronov v predniku placentalnih sesalcev.												
		To test the extent of intron gain in placental-specific gene families the presence of intron gain has been analyzed in KRAB and SCAN ZNF genes, especially in those orthologous genes that originated in the ancestor of placentals (>150 orthologous genes were analyzed). The analysis has shown that the amount of intron gain in these genes is not as high as in the												

		case of TE-derived domesticated genes and retrogenes, but a number of cases with intron gain can, even so, be recognized. The analysis of placental-specific domesticated genes, retrogenes and placental-specific transcription factors (~200 were analyzed) has shown that numerous intron gains occurred in the ancestor of placentals and that intron gain is still ongoing in mammals. This study provides the first evidence for numerous intron gains in the ancestor of placental mammals.
	Objavljeno v	BioMed Central; Biology direct; 2011; Vol. 6, article no. 59; 8 str.; Impact Factor: 4.017; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 2.096; A': 1; WoS: CU; Avtorji / Authors: Kordiš Dušan
	Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek
2.	COBISS ID	26492711 Vir: COBISS.SI
	Naslov	<i>SLO</i> Nastanek in regulatorno ožičenje domesticiranih genov, ki so nastali iz retroelementov
		<i>ANG</i> Genesis and regulatory wiring of retroelement-derived domesticated genes: a phylogenomic perspective
	Opis	<i>SLO</i> Vretenčarji, še posebno sesalci, imajo številne domesticirane gene (DG), ki so nastali iz transpozicijskih elementov. Vendar pa sta bila nastanek in evolucija DG, ki so nastali iz retroelementov (RDDG), doslej le delno pojasnjena. Nastanek in regulatorno ožičenje RDDG smo raziskovali s pomočjo filogenomske analize več kot 90 genomov strunarjev. Filogenomska analiza teh DG je pokazala, da je do glavne diverzifikacije prišlo v predniku placentalnih sesalcev. Analiza sintenije je pokazala, da so bili različni RDDGji in njihovi kromosomski položaji fiksirani že v predniku placentalnih sesalcev. S pomočjo analize aktivnih skupin Metaviridae pri amniotih smo dokazali, da so RDDGji nastali iz ostankov retroelementov. Pokazali smo tudi, da je bila kromosomska mobilnost RDDGjev zelo dinamična samo v predniku placentalnih sesalcev. Med procesom domestikacije je bila de novo pridobitev regulatornih regij predpogoj za preživetje DGjev. Nastanek in evolucijo de novo pridobljenih promotorskih in neprevedenih regij pri različnih sesalskih RDDGjih smo pojasnili s pomočjo komparativne analize ortolognih genskih lokusov. Nastanek inovacij in adaptacij, ki so značilne za placentalne sesalce (placenta, neokorteks) je bil zelo verjetno povezan z regulatornim ožičenjem DGjev in njihovo hitro fiksacijo v predniku placentalnih sesalcev.
		<i>ANG</i> Vertebrates, especially mammals, possess numerous single copy domesticated genes (DGs) that have originated from the intronless multicopy transposable elements. However, the origin and evolution of the retroelement-derived DGs (RDDGs) that originated from Metaviridae has been only partially elucidated, due to absence of genome data or to limited analysis of a single family of DGs. We traced the genesis and regulatory wiring of the Metaviridae-derived DGs through phylogenomic analysis, using whole-genome information from more than 90 chordate genomes. Phylogenomic analysis of these DGs in chordate genomes provided direct evidence that major diversification has occurred in the ancestor of placental mammals. Analysis of syntenic loci has shown that diverse RDDGs and their chromosomal positions were fully established in the ancestor of placental mammals. By analysis of active Metaviridae lineages in amniotes, we have demonstrated that RDDGs originated from retroelement remains. The chromosomal gene movements of RDDGs were highly dynamic only in the ancestor of placental mammals. During the domestication process, de novo acquisition of regulatory regions is shown to be a prerequisite for the survival of the DGs. The origin and evolution of de novo acquired promoters and untranslated regions in diverse mammalian RDDGs have been explained by comparative analysis of orthologous gene loci. The origin of placental mammal-specific innovations and adaptations, such as placenta and newly evolved brain functions, was most probably connected to the

		regulatory wiring of DGs and their rapid fixation in the ancestor of placental mammals.
	Objavljeno v	The University of Chicago Press; Molecular biology and evolution; 2013; 12 str.; Impact Factor: 5.550; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 3.627; A': 1; WoS: CQ, HT, KM; Avtorji / Authors: Kokošar Janez, Kordiš Dušan
	Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek
3.	COBISS ID	23152679 Vir: COBISS.SI
	Naslov	<i>SLO</i> Filogenomska analiza obsežnih in zelo divergentnih proteinskih naddružin
		<i>ANG</i> Phylogenomic analysis of the cystatin superfamily in eukaryotes and prokaryotes
	Opis	<i>SLO</i> V tem znanstvenem članku smo razvili enostavno metodo za filogenomsko analizo obsežnih in zelo divergentnih proteinskih naddružin.
		<i>ANG</i> Our approach and methodology can be used for any highly divergent protein superfamily in making sense out of genome sequence data and in understanding their evolution.
	Objavljeno v	BioMed Central; BMC evolutionary biology; 2009; Vol. 9; str. 266-1-266-22; Impact Factor: 4.294; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 3.574; A': 1; WoS: HT, KM; Avtorji / Authors: Kordiš Dušan, Turk Vito
	Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek
4.	COBISS ID	23528999 Vir: COBISS.SI
	Naslov	<i>SLO</i> Transpozicijski elementi v plazilskih in ptičjih (Sauropsida) genomih
		<i>ANG</i> Transposable elements in reptilian and avian (sauropsida) genomes
	Opis	<i>SLO</i> V tem preglednem članku smo naredili sintezo trenutnega znanja o transpozicijskih elementih pri plazilih in ptičih. Pomembno je za razumevanje organizacije in evolucije sesalskih genomov.
		<i>ANG</i> The large amount of recently accumulated genome-wide data on TEs in diverse lineages of sauropsids has provided a remarkable opportunity to review current knowledge about TEs of sauropsids in their genomic context.
	Objavljeno v	S. Karger; Cytogenetic and genome research; 2009; Vol. 127, no. 2/4; str. 94-111; Impact Factor: 1.729; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 3.574; WoS: DR, KM; Avtorji / Authors: Kordiš Dušan
	Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek

8. Najpomembnejši družbeno-ekonomski rezultati projektne skupine⁷

	Družbeno-ekonomski dosežek	
1.	COBISS ID	
	Naslov	<i>SLO</i>
		<i>ANG</i>
	Opis	<i>SLO</i>
		<i>ANG</i>
	Šifra	
	Objavljeno v	
	Tipologija	

9. Drugi pomembni rezultati projektne skupine⁸**D VODENJE**

D.01 Vodenje/koordiniranje (mednarodni in domači projekti): Dušan Kordiš in Nika Lovšin vodita domače projekte, Igor Križaj pa vodi mednarodne in domače projekte.

D.09 Mentorstvo doktorandom: Dušan Kordiš, Igor Križaj in Nika Lovšin so mentorji več mladim raziskovalcem.

D.10 Pedagoško delo:

Dušan Kordiš: Na dodiplomskem izobraževanju je nosilec predmeta Molekularna evolucija na UL-FKKT, na podiplomskem izobraževanju pa nosilec predmeta Evolucijska genomika na triletnem doktorskem študijskem programu Biomedicina na UL ter na MPŠ-IJS. Igor Križaj: na dodiplomskem izobraževanju poučuje naslednje predmete na UL FKKT: Struktura proteinov in Biološke membrane; na podiplomskem izobraževanju pa poučuje predmet Novejše Biotehnoške metode na UL-BF ter predmet Proteinski toksini – karakterizacija in uporaba v celični biologiji na MPŠ-IJS. Nika Lovšin: na dodiplomskem programu UL FKKT sodeluje kot asistentka pri vajah iz predmeta Biokemija. Janez Kokošar: na dodiplomskem programu UL FKKT sodeluje kot asistent pri vajah iz predmetov Biokemija ter Molekularna evolucija.

F APLIKATIVNI REZULTATI

F.01 pridobitev novih praktičnih znanj, informacij in veščin: Za Slovenijo so genomske raziskave pomembne, saj doprinašajo k mednarodnemu ugledu slovenske znanosti, ki na tem področju nedvomno dosega svetovno raven. Naše raziskave na področju evolucijske genomike so omogočile uvajanje novih metod in tehnologij na področjih genomske biologije, »in silico« biologije, bioinformatike in molekularne evolucije v slovensko raziskovalno sfero. Posledica našega raziskovalnega dela je da Slovenija ne predstavlja bele lise na področju genomske biologije in evolucijske genomike.

F.02 pridobitev novih znanstvenih spoznanj: Dokaz za uspešnost in sodobnost naših raziskav na področju evolucijske genomike so objavljeni članki v zelo uglednih znanstvenih revijah, predavanja in vabljen predavanja na zelo uglednih mednarodnih znanstvenih konferencah ter citiranost naših raziskav.

10. Pomen raziskovalnih rezultatov projektne skupine⁹**10.1. Pomen za razvoj znanosti¹⁰**

SLO

Rezultati raziskovalnega projekta so relevantni za številna pomembna vprašanja regulatorne genomike sesalcev in vretenčarjev in so naslednji: pojasnitev nastanka transkripcijskih represorjev pri vretenčarjih (zakaj, kdaj, kje in kako), njihove evolucije ter funkcionalne diverzifikacije in ekspanzije, ki je omogočila nov način regulacije transkripcije in je privedla do izjemne diverzifikacije regulatornega omrežja pri vretenčarjih. Filogenomska analiza transkripcijskih represorjev v najstarejših genomih sesalcev (Prototheria, Metatheria in bazalnih placentarnih nadredov (Afrotheria in Xenarthra)) je dokončno pojasnila njihov izvor in kompleksno evolucijo pri sesalcih. Nastanek in razvoj transkripcijskih represorjev je bil verjetno ključen za nastanek regulatornih in bioloških razlik, ki so specifične ne le za sesalce ampak tudi za amniote in bazalne kopenske vretenčarje. Pojasnili smo mehanizme nastanka regulatornega omrežja transkripcijskih represorjev pri kopenskih vretenčarjih, kako se je razvijalo in zakaj se je tako močno povečalo pri sesalcih. Določene značilnosti DNA vezavnih (ZNF) in efektorskih (SCAN in KRAB) domen so bile ključnega pomena za nastanek regulatornega omrežja in za izjemno povečanje kompleksnosti in števila transkripcijskih represorjev. Pojasnili smo vlogo in vpliv de novo eksonizacije SCAN dimerizacijske domene na nastanek in močno povečanje regulatornega omrežja transkripcijskih represorjev v genomih ključnih skupin kopenskih vretenčarjev. Rezultati projekta so pomembni za številna znanstvena področja: regulatorno genomiko, komparativno genomiko, filogenomiko, biologijo sesalcev in vretenčarjev ter za regulatorno in funkcionalno evolucijo.

ANG

The obtained results are relevant to a number of important questions in mammalian and vertebrate regulatory genomics. We have elucidated the origin of transcriptional repressors (why, when, where and how), their evolution, functional diversifications and expansions that led

to the huge diversification of regulatory network in land vertebrates (tetrapods). The phylogenomic analysis of transcriptional repressor genes in the oldest mammalian genomes, such as monotremes, marsupials and basal placental superorders (Afrotheria and Xenarthra)), provided the definitive answer on the origin and evolution of transcriptional repressors in mammals. The acquisition of lineage- and species-specific transcriptional repressors may hold the key to understanding gene expression and biological differences that make mammals distinct from their closest relatives. The mechanisms by which transcriptional regulatory networks of transcriptional repressors in tetrapods originate, evolve and expand have been elucidated. The particular characteristics of DNA binding (ZNF) and effector (KRAB and SCAN) domains that were responsible for the origin of transcriptional repressors in tetrapods and for their massive increase in number and complexity have been elucidated. The role and impact of de novo exonization of the SCAN dimerization domain in the basal tetrapods have been elucidated. The mechanisms involved in the origin and expansion of the huge family of transcriptional repressors have been elucidated. The obtained results are important for various scientific fields: comparative genomics, phylogenomics, mammalian and vertebrate biology, and regulatory and functional evolution.

10.2. Pomen za razvoj Slovenije¹¹

SLO

Naše raziskave na področju evlucijske genomike so omogočile uvajanje novih metod in tehnologij na področju genomske biologije, »in silico« biologije, bioinformatike in molekularne evolucije v slovensko raziskovalno sfero. Pridobivamo nova praktična znanja, informacije in veščine na področju evlucijske in komparativne genomike, virologije in proteomike. Posledica našega raziskovalnega dela je da Slovenija ne predstavlja bele lise na področju genomske biologije in evlucijske genomike. Novo pridobljeno originalno znanje predstavljamo v člankih v zelo uglednih znanstvenih revijah ter na zelo uglednih mednarodnih znanstvenih konferencah. Teoretična in praktična znanja iz področij genomike, proteomike in molekularne evolucije prenašamo študentom Univerze v Ljubljani. Zelo pomemben vidik teh raziskav je tudi vzgoja diplomantov in mladih raziskovalcev. Diplomanti in MR, katerim smo bili mentorji, so odšli v farmacevtsko industrijo (KRKA, LEK) ali pa na druge fakultete in raziskovalne institute, kjer lahko uporabljajo novo pridobljena teoretična in praktična znanja iz področja genomike. Dokaz za uspešnost in sodobnost naših raziskav na področju evlucijske genomike so objavljeni članki v zelo uglednih znanstvenih revijah, predavanja in vabljen predavanja na zelo uglednih mednarodnih znanstvenih konferencah ter citiranost naših raziskav. Za Slovenijo so genomske raziskave pomembne, saj doprinašajo k mednarodnemu ugledu slovenske znanosti, ki na tem področju nedvomno dosega svetovno raven. Posledica naših raziskav na področju genomske biologije je izboljšanje prepoznavnosti in znanstvene konkurenčnosti Slovenije v svetu. Projekt je bil harmoniziran z Resolucijo o nacionalnem raziskovalnem in razvojnem programu 2006-2010 in s prvo tematsko prioriteto javnega razpisa: Raziskovanje genomike in biotehnologije za zdravje, kakovost in varnost živil ter trajnostnega razvoja. Projekt se je ukvarjal z raziskavami transkripcijskih represorjev, in je v tem smislu del širših raziskovalnih aktivnosti na področju komparativne genomike pri vretenčarjih, ki jih izvajamo v sklopu raziskovalnega programa P1-0207, financiranega s strani ARRS.

ANG

Our original research in the field of genome research has enabled the introduction of new methods and technologies in the fields of genome biology, »in silico« biology, bioinformatics and molecular evolution in Slovenia. We acquire new and practical knowledge, information and skills in the field of comparative and evolutionary genomics. The consequence of our current research work is that Slovenia is not excluded from the field of genome research. The results of our original research are published in leading scientific journals and presented at international scientific meetings. Theoretical and practical knowledge from the fields of genomics, proteomics and molecular evolution is transferred to the students and young researchers at the University of Ljubljana and IJS. Diploma students and young researchers are trained and educated in the field of genomics; this newly obtained knowledge is transferred into the pharmaceutical industry and to other research institutions. Research project was harmonized with the national research and development programme and with the thematic priorities within the public call and belongs to the first thematic priority: Life sciences, genomics and biotechnology for health. This project was connected to the research on the comparative genomics of vertebrates, which is the part of

research programme P1-0207.

11. Samo za aplikativne projekte in podoktorske projekte iz gospodarstva!
Označite, katerega od navedenih ciljev ste si zastavili pri projektu, katere konkretne rezultate ste dosegli in v kakšni meri so doseženi rezultati uporabljeni

Cilj		
F.01	Pridobitev novih praktičnih znanj, informacij in veščin	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.02	Pridobitev novih znanstvenih spoznanj	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.03	Večja usposobljenost raziskovalno-razvojnega osebja	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.04	Dvig tehnološke ravni	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.05	Sposobnost za začetek novega tehnološkega razvoja	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.06	Razvoj novega izdelka	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.07	Izboljšanje obstoječega izdelka	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.08	Razvoj in izdelava prototipa	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>

	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.09	Razvoj novega tehnološkega procesa oz. tehnologije	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.10	Izboljšanje obstoječega tehnološkega procesa oz. tehnologije	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.11	Razvoj nove storitve	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.12	Izboljšanje obstoječe storitve	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.13	Razvoj novih proizvodnih metod in instrumentov oz. proizvodnih procesov	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.14	Izboljšanje obstoječih proizvodnih metod in instrumentov oz. proizvodnih procesov	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.15	Razvoj novega informacijskega sistema/podatkovnih baz	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.16	Izboljšanje obstoječega informacijskega sistema/podatkovnih baz	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.17	Prenos obstoječih tehnologij, znanj, metod in postopkov v prakso	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE

	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.18	Posredovanje novih znanj neposrednim uporabnikom (seminarji, forumi, konference)	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.19	Znanje, ki vodi k ustanovitvi novega podjetja ("spin off")	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.20	Ustanovitev novega podjetja ("spin off")	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.21	Razvoj novih zdravstvenih/diagnostičnih metod/postopkov	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.22	Izboljšanje obstoječih zdravstvenih/diagnostičnih metod/postopkov	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.23	Razvoj novih sistemskih, normativnih, programskih in metodoloških rešitev	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.24	Izboljšanje obstoječih sistemskih, normativnih, programskih in metodoloških rešitev	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.25	Razvoj novih organizacijskih in upravljavskih rešitev	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>

		<input type="text"/>
F.26	Izboljšanje obstoječih organizacijskih in upravljavskih rešitev	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.27	Prispevek k ohranjanju/varovanje naravne in kulturne dediščine	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.28	Priprava/organizacija razstave	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.29	Prispevek k razvoju nacionalne kulturne identitete	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.30	Strokovna ocena stanja	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.31	Razvoj standardov	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.32	Mednarodni patent	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.33	Patent v Sloveniji	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.34	Svetovalna dejavnost	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE

	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.35	Drugo	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>

Komentar

12.Samo za aplikativne projekte in podoktorske projekte iz gospodarstva!
Označite potencialne vplive oziroma učinke vaših rezultatov na navedena področja

	Vpliv	Ni vpliva	Majhen vpliv	Srednji vpliv	Velik vpliv	
G.01	Razvoj visokošolskega izobraževanja					
G.01.01.	Razvoj dodiplomskega izobraževanja	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.01.02.	Razvoj podiplomskega izobraževanja	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.01.03.	Drugo: <input type="text"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02	Gospodarski razvoj					
G.02.01	Razširitev ponudbe novih izdelkov/storitev na trgu	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.02.	Širitev obstoječih trgov	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.03.	Znižanje stroškov proizvodnje	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.04.	Zmanjšanje porabe materialov in energije	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.05.	Razširitev področja dejavnosti	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.06.	Večja konkurenčna sposobnost	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.07.	Večji delež izvoza	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.08.	Povečanje dobička	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.09.	Nova delovna mesta	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.10.	Dvig izobrazbene strukture zaposlenih	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.11.	Nov investicijski zagon	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.12.	Drugo: <input type="text"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.03	Tehnološki razvoj					
G.03.01.	Tehnološka razširitev/posodobitev dejavnosti	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.03.02.	Tehnološko prestrukturiranje dejavnosti	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.03.03.	Uvajanje novih tehnologij	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.03.04.	Drugo: <input type="text"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.04	Družbeni razvoj					

G.04.01.	Dvig kvalitete življenja	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.04.02.	Izboljšanje vodenja in upravljanja	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.04.03.	Izboljšanje delovanja administracije in javne uprave	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.04.04.	Razvoj socialnih dejavnosti	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.04.05.	Razvoj civilne družbe	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.04.06.	Drugo:	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.05.	Ohranjanje in razvoj nacionalne naravne in kulturne dediščine in identitete	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.06.	Varovanje okolja in trajnostni razvoj	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.07	Razvoj družbene infrastrukture					
G.07.01.	Informacijsko-komunikacijska infrastruktura	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.07.02.	Prometna infrastruktura	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.07.03.	Energetska infrastruktura	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.07.04.	Drugo:	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.08.	Varovanje zdravja in razvoj zdravstvenega varstva	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.09.	Drugo:	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	

Komentar

--

13.Pomen raziskovanja za sofinancerje¹²

	Sofinancer	
1.	Naziv	
	Naslov	
	Vrednost sofinanciranja za celotno obdobje trajanja projekta je znašala:	EUR
	Odstotek od utemeljenih stroškov projekta:	%
	Najpomembnejši rezultati raziskovanja za sofinancerja	Šifra
	1.	
	2.	
	3.	
	4.	
	5.	
Komentar		
Ocena		

14.Izjemni dosežek v letu 2012¹³**14.1. Izjemni znanstveni dosežek**

--

14.2. Izjemni družbeno-ekonomski dosežek

--

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 ter obdelavo teh podatkov za evidence ARRS
- so vsi podatki v obrazcu v elektronski obliki identični podatkom v obrazcu v pisni obliki
- so z vsebino zaključnega poročila seznanjeni in se strinjajo vsi soizvajalci projekta

Podpisi:

*zastopnik oz. pooblaščen oseba
raziskovalne organizacije:*

in

vodja raziskovalnega projekta:

Institut "Jožef Stefan"

Dušan Kordiš

ŽIG

Kraj in datum:

Ljubljana	14.3.2013
-----------	-----------

Oznaka prijave: ARRS-RPROJ-ZP-2013/124

¹ Opredelite raziskovalno področje po klasifikaciji FOS 2007 (Fields of Science). Prevajalna tabela med raziskovalnimi področji po klasifikaciji ARRS ter po klasifikaciji FOS 2007 (Fields of Science) s kategorijami WOS (Web of Science) kot podpodročji je dostopna na spletni strani agencije (<http://www.arrs.gov.si/sl/gradivo/sifranti/preslik-vpp-fos-wos.asp>). [Nazaj](#)

² Napišite povzetek raziskovalnega projekta (največ 3.000 znakov v slovenskem in angleškem jeziku) [Nazaj](#)

³ Napišite kratko vsebinsko poročilo, kjer boste predstavili raziskovalno hipotezo in opis raziskovanja. Navedite ključne ugotovitve, znanstvena spoznanja, rezultate in učinke raziskovalnega projekta in njihovo uporabo ter sodelovanje s tujimi partnerji. Največ 12.000 znakov vključno s presledki (približno dve strani, velikost pisave 11). [Nazaj](#)

⁴ Realizacija raziskovalne hipoteze. Največ 3.000 znakov vključno s presledki (približno pol strani, velikost pisave 11) [Nazaj](#)

⁵ V primeru bistvenih odstopanj in sprememb od predvidenega programa raziskovalnega projekta, kot je bil zapisan v predlogu raziskovalnega projekta oziroma v primeru sprememb, povečanja ali zmanjšanja sestave projektne skupine v zadnjem letu izvajanja projekta, napišite obrazložitev. V primeru, da sprememb ni bilo, to navedite. Največ 6.000 znakov vključno s presledki (približno ena stran, velikost pisave 11). [Nazaj](#)

⁶ Navedite znanstvene dosežke, ki so nastali v okviru tega projekta. Raziskovalni dosežek iz obdobja izvajanja projekta (do oddaje zaključnega poročila) 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](#)

⁷ Navedite družbeno-ekonomske dosežke, ki so nastali v okviru tega projekta. Družbeno-ekonomski rezultat iz obdobja izvajanja projekta (do oddaje zaključnega poročila) 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 projekta ... - v obeh primerih ni COBISS ID). [Nazaj](#)

⁸ Navedite rezultate raziskovalnega projekta iz obdobja izvajanja projekta (do oddaje zaključnega poročila) v primeru, da katerega od rezultatov ni mogoče navesti v točkah 7 in 8 (npr. ker se ga v sistemu COBISS ne vodi). Največ 2.000 znakov, vključno s presledki. [Nazaj](#)

⁹ Pomen raziskovalnih rezultatov za razvoj znanosti in za razvoj Slovenije bo objavljen na spletni strani: <http://sicris.izum.si/> za posamezen projekt, ki je predmet poročanja [Nazaj](#)

¹⁰ Največ 4.000 znakov, vključno s presledki [Nazaj](#)

¹¹ Največ 4.000 znakov, vključno s presledki [Nazaj](#)

¹² Rubrike izpolnite / prepisite skladno z obrazcem "izjava sofinancerja" <http://www.arrs.gov.si/sl/progproj/rproj/gradivo/>, ki ga mora izpolniti sofinancer. Podpisan obrazec "Izjava sofinancerja" pridobi in hrani nosilna raziskovalna organizacija – izvajalka projekta. [Nazaj](#)

¹³ Navedite en izjemni znanstveni dosežek in/ali en izjemni družbeno-ekonomski dosežek raziskovalnega projekta v letu 2012 (največ 1000 znakov, vključno s presledki). 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 priponko/-i k temu poročilu. Vzorec diapozitiva je objavljen na spletni strani ARRS <http://www.arrs.gov.si/sl/gradivo/>, predstavitev dosežkov za pretekla leta pa so objavljena na spletni strani <http://www.arrs.gov.si/sl/analize/dosez/>. [Nazaj](#)

Obrazec: ARRS-RPROJ-ZP/2013 v1.00
C2-58-3A-87-4D-94-2B-2F-84-58-DE-56-E2-1F-4B-F6-8B-DA-B8-22