

Oznaka poročila: ARRS-RPROJ-ZP-2014/118



ZAKLJUČNO POROČILO RAZISKOVALNEGA PROJEKTA

A. PODATKI O RAZISKOVALNEM PROJEKTU

1. Osnovni podatki o raziskovalnem projektu

Šifra projekta	J3-3628
Naslov projekta	Družinska anamneza - genetsko orodje za preventivno medicino
Vodja projekta	10458 Borut Peterlin
Tip projekta	J Temeljni projekt
Obseg raziskovalnih ur	8433
Cenovni razred	B
Trajanje projekta	05.2010 - 04.2013
Nosilna raziskovalna organizacija	381 Univerza v Ljubljani, Medicinska fakulteta
Raziskovalne organizacije - soizvajalke	312 Univerzitetni klinični center Ljubljana 1513 Zavod za zdravstveno varstvo Ljubljana 2451 ZAVOD BIOMEDICINSKA RAZVOJNO INOVACIJSKA SKUPINA
Raziskovalno področje po šifrantu ARRS	3 MEDICINA 3.05 Reprodukcijska človeka
Družbeno-ekonomski cilj	07. Zdravje
Raziskovalno področje po šifrantu FOS	3 Medicinske vede 3.02 Klinična medicina

B. REZULTATI IN DOSEŽKI RAZISKOVALNEGA PROJEKTA

2. Povzetek raziskovalnega projekta¹

SLO

V projektu smo si zastavili cilj, da ocenimo pomen družinske anamneze in genetske variabilnosti v etiologiji in napovedovanju izbranih kompleksnih bolezni. V reprezentativnem vzorcu splošne populacije zdravih preiskovancev smo ugotovili pomemben delež oseb s srednje in močno zvišanim tveganjem zaradi pozitivne družinske anamneze: 20.9% za koronarno srčno bolezen, 11.5% za sladkorno bolezen in 12.1% za rakave bolezni. V vseh modelih bolezni, ki smo jih raziskovali (prezgodnji porod, Parkinsonova bolezen, multipla skleroza, depresije, koronarna srčna bolezen), smo ugotovili, da je pozitivna družinska anamneza za isto bolezen dejavnik tveganja oziroma napovedni dejavnik za obolevanje. Dodatno smo analizirali tudi pomen družinskega pojavljanja potencialno povezanih bolezni.

Tako smo pri Parkinsonovi bolezni ugotovili, da demenca prispeva k napovednemu modelu tveganja za obolenje, pri multipli sklerozi rakave bolezni, pri depresiji pa so v družinah obolelih pogosteje prisotne druge psihiatrične in nevrodegenerativne bolezni (demence, Parkinsonova bolezen).

Pri raziskovanju pomena genetske variabilnosti smo odkrili sledeče povezave: genetska variabilnost v v genih MAPT (rs1800547), ITGA8 (rs947211) in PARK16 (rs947211) je bila povezana s Parkinsonovo boleznijo, genotip oz. haplotip GSTM1/GSTT1nič je bil povezan z miokardnim infarktom pri bolnikih s sladkorno boleznijo tip2, genetska variabilnost v STAT3 (rs963987), STAT5A (rs6503695), ARNTL (rs3789327) in CLOCK (rs6811520) genih je bila povezana z multiplo sklerozo, medtem ko je bil genetski polimorfizem v genu PCLO (rs2522866) povezan z depresijami le pri bolnikih brez družinske anamneze bolezni.

Zaključimo lahko, da v slovenski populaciji družinska anamneza pomembno prispeva k identifikaciji oseb z zvišanim tveganjem za obolenje za koronarno srčno bolezen, sladkorno bolezen in rakave bolezni. Prav tako prispeva k razvoju bolezni več kot genetska variabilnost. Na primeru depresij smo pokazali, da je smiselno pri interpretaciji rezultatov asociacijskih genetskih študij upoštevati podatek o družinski anamnezi. K tveganju za obolenje lahko prispeva ne samo družinska anamneza za isto bolezen, temveč tudi družinsko pojavljanje sorodnih bolezni. Ocenjujemo, da je družinska anamneza pomembno orodje v napovedni oz. personalizirani medicini.

ANG

The goal of the project was to evaluate the contribution of family history and genetic variability in the etiology and risk prediction of selected complex disorders.

In the representative sample of Slovene general population we found that family history contributed to moderate/high risk in a significant number of investigated persons: 20.9% in coronary heart disease, 11.5% in diabetes and 12.1% in cancer.

In all investigated diseases (preterm birth, Parkinson's disease, multiple sclerosis, depression and coronary heart disease) we found family history to be a risk factor for morbidity.

In addition to familial occurrence of the same disease we evaluated contribution of related disorders to risk estimation. We showed that family history of dementia contributes to risk in Parkinson's disease, cancer in multiple sclerosis as well as psychiatric and neurodegenerative (Parkinson's disease, dementia) disorders in depression.

We found several associations of genetic variability and investigated disorders: polymorphisms in MAPT (rs1800547), ITGA8 (rs947211) and PARK16 (rs947211) were associated with Parkinson's disease, GSTM1/GSTT1null haplotype was associated with coronary heart disease in patients with diabetes type 2, polymorphisms in STAT3 (rs963987), STAT5A (rs6503695), ARNTL (rs3789327) and CLOCK (rs6811520) genes were associated with multiple sclerosis, while the PCLO (rs2522866) polymorphism was associated with depression only in group of patients without family history of disease.

In conclusion, family history is an important tool to identify persons with high risk for coronary heart disease, diabetes and cancer in general population. Family history contributes to risk more than single genetic variations. Familial comorbidity for related disorders can additionally contribute to risk estimation. Therefore we suggest that family history is an important tool in future predictive and personalized medicine.

3. Poročilo o realizaciji predloženega programa dela na raziskovalnem projektu²

Ocenili smo vlogo družinske anamneze pri treh pomembnih kategorijah bolezni: kardiovaskularni bolezni, sladkorni bolezni in raku pri 1696 zdravih preiskovancih slovenske populacije. Pozitivno družinsko anamnezo smo ugotovili pri 21.6% za kardiovaskularno bolezen, 15.8% za sladkorno bolezen in 14.8% za rakave bolezni. Stopnjo družinske obremenitve smo razdelili na tri skupine: visoko tveganje, zmerno in povprečno (tveganje, ki je prisotno v splošni populaciji) tveganje. S podatki iz družinske anamneze smo tako ugotovili visoko tveganje za kardiovaskularne bolezni pri 2.8%, sladkorno bolezen pri 0.4% in rak pri 0.8% preiskovancih, zmerno tveganje pa za kardiovaskularne bolezni pri 18.1%, sladkorno bolezen pri 11.1% in rak pri 11.3% preiskovancih. Ugotovitve so zelo pomembne za identifikacijo ogrožene skupine prebivalstva, ki mu lahko ponudimo prilagojene možnosti zgodnje detekcije in zdravljenja bolezni.

Ocenili smo tudi vlogo pozitivne družinske anamneze o koronarni bolezni kot možnega dejavnika tveganja pri nastanku koronarne bolezni pri 800 bolnikih s

sladkorno boleznijo tipa 2.

Med tistimi z znano koronarno boleznijo (angina pectoris potrjena s koronarografijo oziroma preboleli srčni infarkt) je imelo 30% pozitivno družinsko anamnezo, medtem ko je imelo med tistimi brez koronarne bolezni le 10,6 % pozitivno družinsko anamnezo.

Drugi faktorji kot npr. pozitivna družinska anamneza nevrodegenerativnih obolenj, rakavih obolenj, ledvičnih obolenj, depresije oziroma demence niso imeli napovedne vrednosti za koronarno bolezen pri bolnikih s sladkorno boleznijo tipa 2.

Ugotovili smo, da je GSTM1/GSTT1 nič haplotip statistično pomembno povezan tako z miokardnim infarktom ($p=0.03$), kot tudi z esencialno arterijsko hipertenzijo pri bolnikih s sladkorno boleznijo tip 2 ($p=0.007$). Na primerljivi skupini preiskovancev smo odkrili, da a1/a2 polimorfizem glikoprotein IIIa gena ni dejavnik tveganja za koronarno srčno bolezen pri bolnikih s sladkorno boleznijo tip 2.

Specifično smo vlogo družinske anamneze pri depresiji ocenili na podlagi analize 1696 preiskovancev iz splošne populacije, pri katerih smo stopnjo depresivnosti ocenili s Zungovo lestvico. Ugotovili smo, da je pozitivna družinska anamneza statistično pomembno povezana z depresijo ($OR=3.46$, $p=0.03$) ob nekaterih drugih demografskih dejavnikih (ženski spol, nižja stopnja izobrazbe, višja starost, nižja stopnja fizične aktivnosti, izpostavljenost kroničnemu stresu in prisotnost kronične bolezni). Z logistično regresijo smo ugotovili, da so neodvisni dejavniki tveganja pozitivna družinska anamneza depresije ($OR=3.8$, $p=0.028$), kronični stres ($OR=6.3$, $p<0.001$) in nizka stopnja izobrazbe ($OR=3.4$, $p=0.005$).

V družinah depresivnih in/ali anksioznih bolnikov smo pogosteje zaznali primere družinskih članov z diagnozo depresije. Obolenje se je pri sorodnikih v I. kolenu pojavljalo v 19,2% (pri zdravih kontrolah v 2,3%), pri sorodnikih v II. ali III. kolenu v 5,0% (pri zdravih kontrolah v 0,3%), bolnikov s sorodniki tako v I. kot II. ali III. kolenu pa je bilo 2,3% (pri zdravih kontrolah tovrstnih primerov nismo zasledili). Podatki o komorbidnosti kažejo, da se določena obolenja pogosteje pojavljajo pri bolnikih z depresivno oz. anksiozno motnjo in njihovih družinskih članih kot pri zdravih kontrolah. To velja predvsem za srčno žilne bolezni (33,3% v primerjavi z 19,1%), Parkinsonovo bolezen (6,2% v primerjavi z 0,7%), Alzheimerjevo bolezen in druge oblike demence (11,9% v primerjavi z 3,2%), druge psihiatrične bolezni (19,7% v primerjavi z 2,0%), ter rakava obolenja (41,8% v primerjavi z 11,2%)

Testirali smo tudi pomen genetske variabilnosti v promotorju serotoninskega receptorja *5-HTT*, polimorfizma rs4680 v genu *COMT* in polimorfizma rs2522866 v genu *PCLO* za razvoj depresije. Medtem ko povezave med preiskovanimi polimorfizmi in boleznijo nismo ugotovili v celotni skupini 412 preiskovancev, smo statistično značilne razlike ugotovili, ko smo bolnike stratificirali glede na prisotnost pozitivne družinske anamneze za depresijo v genu *PCLO* ($p=0.001$) in mejno statistično razliko v genu za serotoninski receptor ($p=0.055$).

Z grajenjem prediktivnega modela za Parkinsonovo bolezen smo pokazali, da družinska anamneza za isto bolezen precej izboljša napoved obolevanja (AUC 0,71 v primerjavi z AUC 0,61) glede na model v katerega so bili vključeni le dejavniki okolja. Dodatno se je napovedna vrednost izboljšala (AUC 0.76) z vključitvijo družinskih podatkov za demenco, depresijo in melanom. Analizirali smo tudi genetsko asociacijo med geni *SNCA*, *LRRK2*, *MAPT*, *GBA*, *SYT11/RAB25*, *STK39*, *PARK16*, *CCDC62/H1P1*, *ITGA8* in Parkinsonovo boleznijo in potrdili povezavo z genom *MAPT* (rs1800547), *ITGA8* (rs7077361) in *PARK16* (rs10847211). Vključitev genetske variabilnosti v napovedni model za obolevanje ni pomembno izboljšal napovedi, dosežene z družinsko anamnezo.

Raziskali smo pomen genetske variabilnosti v genih *MMP-1* -1607 1G/2G and *MMP-9* -1562 C/T na prezgodnji porod. Statistično pomembni razlik v skupini 232 preiskovank nismo odkrili, tudi ko smo pacientke stratificirali glede na prisotnost pozitivne družinske anamneze za prezgodnji porod.

Pri uporabi družinske anamneze smo posebno pozornost usmerili tudi na družinski pojav drugih bolezni, kar bi lahko bilo po eni strani pomembno za razumevanje molekularnih mehanizmov bolezni (ki se skupaj pojavljajo pogosteje kot bi pričakovali), po drugi strani pa bi lahko družinsko komorbidnost uporabili pri oceni tveganja na podlagi družinske anamneze.

Analiza družinske komorbidnosti pri osebah z multiplo sklerozo je pokazala, na povečano pojavnost rakavih bolezni v primerjavi z zdravo kontrolno populacijo. Družinsko anamnezo za rakave bolezni smo namreč ugotovili pri 2.3% od 393 oseb z multiplo sklerozo in 0,7% od 1707 zdravih oseb. Pozitivna družinska anamneza v prvi stopnji sorodstva je bila prisotna pri 28.2% oseb z multiplo sklerozo v primerjavi z 14.1% v kontrolni populaciji. Prva skupina je navajala tri in več sorodnikov z rakavo boleznijo v 8.4%, druga pa le v 0.5%.

Pri multipli sklerozii smo odkrili nova genetska dejavnika v etiologiji bolezni. Z analizo 1058 bolnikov z multiplo sklerozo in 1041 zdravih preiskovancev smo ugotovili, da sta tako STAT3 gen (rs963987, , $p=0.025$), kot tudi STAT5A gen (rs6503695 , $p=7,5 \cdot 10^4$) povezana z boleznijo. Prav tako smo na primerljivi skupini preiskovancev prvič opozorili na genetsko povezavo med genomu cirkadianega ritma: ARNTL (rs3789327 , $p=7,49 \cdot 10^5$) in CLOCK (rs6811520 , $p=0.02$) in multiplo sklerozo.

4. Ocena stopnje realizacije programa dela na raziskovalnem projektu in zastavljenih raziskovalnih ciljev³

S projektom smo v celoti potrdili raziskovalno hipotezo. Pokazali smo na pomen družinske anamneze pri identifikaciji oseb z zvišanim tveganjem za obolenje v splošni populaciji in pri oceni bolezenskega tveganja v vseh preiskovanih modelih bolezni. Opozorili smo na pomen družinskega pojavljanja sorodnih bolezni za oceno bolezenskega tveganja. Družinska anamneza prispeva k oceni tveganja za obolenje več kot posamezni tvegani polimorfizmi in lahko pomembno prispeva k interpretaciji genetskih asociacijskih raziskav.

5. Utemeljitev morebitnih sprememb programa raziskovalnega projekta oziroma sprememb, povečanja ali zmanjšanja sestave projektne skupine⁴

Pomembnih sprememb programa ali skupine ni bilo.

6. Najpomembnejši znanstveni rezultati projektne skupine⁵

Znanstveni dosežek														
1.	<table border="1"> <tr> <td>COBISS ID</td> <td>30946009</td> <td>Vir: COBISS.SI</td> </tr> <tr> <td rowspan="2">Naslov</td> <td>SLO</td> <td>Družinska anamneza kot prediktor bolezni pri zdravih preiskovancih</td> </tr> <tr> <td>ANG</td> <td>Family history as a predictor for disease risk in healthy individuals</td> </tr> <tr> <td rowspan="2">Opis</td> <td>SLO</td> <td>V zdravi slovenski populaciji smo na podlagi družinske anamneze bolezni ugotovili srednje ali visoko povišano tveganje za koronarno srčno bolezen v 21%, za sladkorno bolezen v 11% in za rakave bolezni v 12% preiskovancev. Posledično lahko skupini z zvišanim tveganjem ponudimo dodatno genetsko in klinično obravnavo.</td> </tr> <tr> <td>ANG</td> <td>Background Family history can be used as a genetic risk predictor for common non-communicable diseases. The aim of this study was to determine the prevalence of healthy individuals at risk of developing these diseases, based on their self-reported family history. Methods and Findings This was a cross-sectional observational study. Data were collected in the three largest occupational practices in primary health care centres in Slovenia, a Central European country. The study population consisted of consecutive individuals who came to occupational practices for their regular preventive check-up from November 2010 to June 2012. We included 1,696 individuals. Data were collected by a self-developed questionnaire. The main outcome was the number of participants at a moderate or high risk</td> </tr> </table>	COBISS ID	30946009	Vir: COBISS.SI	Naslov	SLO	Družinska anamneza kot prediktor bolezni pri zdravih preiskovancih	ANG	Family history as a predictor for disease risk in healthy individuals	Opis	SLO	V zdravi slovenski populaciji smo na podlagi družinske anamneze bolezni ugotovili srednje ali visoko povišano tveganje za koronarno srčno bolezen v 21%, za sladkorno bolezen v 11% in za rakave bolezni v 12% preiskovancev. Posledično lahko skupini z zvišanim tveganjem ponudimo dodatno genetsko in klinično obravnavo.	ANG	Background Family history can be used as a genetic risk predictor for common non-communicable diseases. The aim of this study was to determine the prevalence of healthy individuals at risk of developing these diseases, based on their self-reported family history. Methods and Findings This was a cross-sectional observational study. Data were collected in the three largest occupational practices in primary health care centres in Slovenia, a Central European country. The study population consisted of consecutive individuals who came to occupational practices for their regular preventive check-up from November 2010 to June 2012. We included 1,696 individuals. Data were collected by a self-developed questionnaire. The main outcome was the number of participants at a moderate or high risk
COBISS ID	30946009	Vir: COBISS.SI												
Naslov	SLO	Družinska anamneza kot prediktor bolezni pri zdravih preiskovancih												
	ANG	Family history as a predictor for disease risk in healthy individuals												
Opis	SLO	V zdravi slovenski populaciji smo na podlagi družinske anamneze bolezni ugotovili srednje ali visoko povišano tveganje za koronarno srčno bolezen v 21%, za sladkorno bolezen v 11% in za rakave bolezni v 12% preiskovancev. Posledično lahko skupini z zvišanim tveganjem ponudimo dodatno genetsko in klinično obravnavo.												
	ANG	Background Family history can be used as a genetic risk predictor for common non-communicable diseases. The aim of this study was to determine the prevalence of healthy individuals at risk of developing these diseases, based on their self-reported family history. Methods and Findings This was a cross-sectional observational study. Data were collected in the three largest occupational practices in primary health care centres in Slovenia, a Central European country. The study population consisted of consecutive individuals who came to occupational practices for their regular preventive check-up from November 2010 to June 2012. We included 1,696 individuals. Data were collected by a self-developed questionnaire. The main outcome was the number of participants at a moderate or high risk												

		for the development of cardiovascular diseases, diabetes, and cancer. The final sample consisted of 1,340 respondents. Moderate or high risk for the development of cardiovascular diseases was present in 280 (20.9%) participants, for the development of diabetes in 154 (11.5%) participants and for cancer in 163 (12.1%) participants. Conclusions In this study, we found a significant proportion of healthy individuals with an increased genetic risk for common non-communicable diseases; consequently further genetic and clinical evaluation and preventive measures should be offered.
	Objavljeno v	Public Library of Science; PloS one; 2013; Vol. 8, iss. 11; Impact Factor: 3.730; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 2.514; A': 1; WoS: RO; Avtorji / Authors: Klemenc-Ketiš Zalika, Peterlin Borut
	Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek
2.	COBISS ID	31061209 Vir: COBISS.SI
	Naslov	<i>SLO</i> Korelati depresije pri zaposlenih osebah v slovenski populaciji <i>ANG</i> Correlates of depression in the slovenian working population
	Opis	<i>SLO</i> Ugotovili smo da 3.4% zaposlenih oseb v Sloveniji trpi za depresijo. Družinska anamneza depresija je bila neodvisen dejavnik tveganja, kakor tudi izpostavljenost kroničnemu stresu in nizka stopnja izobrazbe. <i>ANG</i> This multicentre, cross-sectional observational study aimed to determine the prevalence of depression among the working population of Slovenia and identify factors correlating with higher prevalence of depression. It was conducted in three occupational medicine practices within major Slovenian primary health care centres. The study population consisted of 1,474 respondents [73.7 % of the invited participants, 889 (60.3 %) men and 585 (39.7 %) women with mean age of (40.59.8) years] who visited these practices for their regular check-ups from November 2010 to June 2012 and were asked to fill in a self-developed questionnaire and score depression on the Zungs self-rating depression scale. According to the rating, 50 (3.4 %) respondents suffered from depression. In the multivariate analysis, depression correlated with the following independent variables: self-perceived exposure to chronic stress, positive family history of depression, and primary school education.
	Objavljeno v	Institut za medicinska istraživanja i medicinu rada; Arhiv za higijenu rada i toksikologiju; 2013; Vol. 64, no. 4; str. 489-495; Impact Factor: 0.674; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 1.951; WoS: NE, YO; Avtorji / Authors: Klemenc-Ketiš Zalika, Peterlin Borut
	Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek
3.	COBISS ID	31248601 Vir: COBISS.SI
	Naslov	<i>SLO</i> GSTM1-nič and GSTT1-nič genotipa sta povezana z esencielno arterijsko hipertenzijo pri bolnikih s sladkorno boleznijo tip 2 <i>ANG</i> GSTM1-null and GSTT1-null genotypes are associated with essential arterial hypertension in patients with type 2 diabetes
	Opis	<i>SLO</i> Ugotovili smo, da sta GSTM1-ničelni in GSTT1-ničelni genotipa neodvisni dejavniki tveganja za esencielno arterijsko hipertenzijo v slovenski populaciji. <i>ANG</i> Objective To evaluate whether the genetic polymorphisms of glutathione S-transferases M1 (GSTM1) and T1 (GSTT1), Ile105Val of the GSTP1 (rs947894), and the Val16Ala polymorphism of the MnSOD (rs4880) are associated with essential arterial hypertension (EAH) in Caucasians with type 2 diabetes. Design and methods 1015 Slovenian subjects (Caucasians) with type 2 diabetes with/without EAH were enrolled in the cross-sectional study. Genotypes were determined by multiplex PCR amplification and PCR-restriction fragment length polymorphism method. Results In the cross-sectional study, GSTM1-null genotype and GSTT1-null genotype were

		associated with EAH in subjects with type 2 diabetes (59.0% vs. 50.3%, $p = 0.007$; 28.5% vs. 20.7%, $p = 0.008$; consequently). Conclusion After adjustment for age, body mass index, and hsCRP level, GSTM1-null and GSTT1-null genotypes were found to be independent risk factors for the development of EAH in Slovenian patients with type 2 diabetes.
	Objavljeno v	Elsevier.; Clinical biochemistry; 2014; Vol. , iss. 1; str.; Impact Factor: 2.450;Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 1.717; A': 1; WoS: PW; Avtorji / Authors: Petrovič Danijel, Peterlin Borut
	Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek
4.	COBISS ID	30200281 Vir: COBISS.SI
	Naslov	<i>SLO</i> Povezava med genotipi v genih za manganovo superoksidno dismutazo in glutationskimi S-transferazami in miokardnim infarktom pri bolnikih s sladkorno boleznijo tip 2
		<i>ANG</i> Association of manganese superoxide dismutase and glutathione S-transferases genotypes with myocardial infarction in patients with type 2 diabetes mellitus
	Opis	<i>SLO</i> Preiskovali smo povezavo med polimorfizmom Val16Ala v genu za za manganovo superoksidno dismutazo, polimorfni delecijama v GSTM1 in GSTT1 genih, Ile105Val polimorfizmom gena GSTP1 in miokardnim infarktom v skupini 436 oseb s sladkorno boleznijo tip 2 od katerih jih je 206 prebolelo miokardni infarkt. Ugotovili smo, da je GSTM1/GSTT1nič haplotip statistično pomembno povezan z miokardnim infarktom (OR=3.22, 95% CI 1.375.04, $p=0.03$).
		<i>ANG</i> Aim: In the present study we investigated the association between genetic polymorphisms with functional effects on redox regulation: Val16Ala of manganese superoxide dismutase (MnSOD), polymorphic deletions of glutathione S-transferases M1 (GSTM1) and T1 (GSTT1) and Ile105Val of glutathione S-transferase P1 (GSTP1) and myocardial infarction (MI) in a group of patientswith type 2 diabetes mellitus. Methods: The study population consistedof 463 Caucasian subjects with type 2 diabetes mellitus of more than10 years' duration: 206 patients with MI and 257 patients with no history of coronary artery disease (CAD). Genotypes were determined by polymerase chain reaction (PCR) with restriction fragment length polymorphism (RFLP) and with multiplex PCR. Results: The genotype distributions of tested single nucleotide polymorphisms did not show significant difference between cases andcontrols. After adjustment for age, gender, smoking, BMI, duration of diabetes and lipid parameters carriers of GSTM1/GSTT1-null haplotype showed an increased risk for MI (OR=3.22, 95% CI 1.37-5.04, $p=0.03$). Conclusion: The GSTM1/GSTT1 haplotype might be a genetic risk factor for MI in patients with type 2 diabetes mellitus.
	Objavljeno v	Elsevier; Diabetes research and clinical practice; 2012; Vol. 98, iss. 1; str. 144-150; Impact Factor: 2.741;Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 3.278; WoS: IA; Avtorji / Authors: Kariž Stojan, Nikolajević-Starčević Jovana, Petrovič Danijel
	Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek
5.	COBISS ID	686252 Vir: COBISS.SI
	Naslov	<i>SLO</i> a1/a2 polimorfizem glikoproteinskega IIIa gena in miokardni infarkt pri pripadnikih kavkaške rase s sladkorno boleznijo tip 2
		<i>ANG</i> The a1/a2 polymorphism of the glycoprotein IIIa gene and myocardial infarction in Caucasians with type 2 diabetes
	Opis	<i>SLO</i> a1/a2 polimorfizem glikoproteinskega IIIa gena je poznan dejavnik tveganja za koronarno srčno bolezen in miokardni infarkt. V raziskavo smo vključili 549 oseb s sladkorno boleznijo tip 2, 224 jih je prebolelo

		miokarni infarkt, 325 pa ne. Ugotovili smo, da a1/a2 polimorfizem glikoprotein IIIa gena ni dejavnik tveganja za koronarno srčno bolezen pri bolnikih s sladkorno boleznijo tip 2 (11.6 vs. 14,1 %).
	ANG	A PIA1/A2 polymorphism of glycoprotein IIIa is known to be involved in the pathogenesis of coronary artery disease (CAD) and myocardial infarction (MI). The aim of this study was to investigate an association between the PIA1/A2 polymorphism of the glycoprotein IIIa gene and the risk of MI in Caucasians with type 2 diabetes. 549 Caucasians with type 2 diabetes were enrolled in the cross sectional retrospective case-control study: 224 patients with MI and 325 diabetic subjects without CAD. Blood biochemical analysis was performed. The polymerase chain reaction with restriction fragment length polymorphism was used for genetic analysis. Patients with MI were older (62 \pm 11.8 vs. 58.5 \pm 11.6 years; $P < 0.001$), and had a longer duration of type 2 diabetes (17.6 \pm 8.9 vs. 15.1 \pm 9.2; $P = 0.01$) compared to the diabetics without CAD. A significant difference in distribution of the A2A2 genotype of glycoprotein IIIa was not found between 224 diabetic patients with MI in comparison to 325 diabetics without CAD (11.6 vs. 14,1 %; n.s.). The diabetes duration and male sex were independent factors for the development of MI, whereas the PIA1/A2 polymorphism of glycoprotein IIIa was not. To conclude, The A2A2 genotype of the glycoprotein IIIa polymorphism was not associated with MI risk in Caucasians with type 2 diabetes.
Objavljeno v		D. Reidel Publ. Co.; Molecular biology reports; 2013; Vol. 40, iss. 3; str. 2077-2081; Impact Factor: 2.506; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 3.761; WoS: CQ; Avtorji / Authors: Nikolajević-Starčević Jovana, Petrovič Danijel
Tipologija	1.01	Izvirni znanstveni članek

7. Najpomembnejši družbeno-ekonomski rezultati projektne skupine⁶

	Družbeno-ekonomski dosežek	
1.	COBISS ID	2907387 Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO Genetski bioznačilci za multiplo sklerozo ANG Genetics biomarkers at multiple sclerosis
	Opis	SLO Doktorsko delo ANG PhD thesis
	Šifra	D.09 Mentorstvo doktorandom
	Objavljeno v	[P. Lavtar]; 2013; IV, 85 str.; Avtorji / Authors: Lavtar Polona
	Tipologija	2.08 Doktorska disertacija
2.	COBISS ID	487084 Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO Genomska medicina-ugotavljanje tveganja kroničnih bolezni preko svetovnega spleta ANG Genomic medicine via WEB
	Opis	SLO Predstavili smo omejitve genetskih testov, ki se ponujajo direktno do potrošnika ANG Limitations and dangers of DTC testing were presented
	Šifra	B.04 Vabljen predavanje
	Objavljeno v	Medicinska fakulteta, Katedra za interno medicino; Zbornik prispevkov; 2012; Str. 269-271; Avtorji / Authors: Peterlin Borut, Lovrečić Luca
	Tipologija	1.07 Objavljeni strokovni prispevek na konferenci (vabljen predavanje)

3.	COBISS ID		00	Vir: vpis v poročilo
	Naslov	SLO	Public Health Genomics	
		ANG	Public Health Genomics	
	Opis	SLO	Souredništvo strokovno-znanstvene revije	
		ANG	Editor of the scientific journal	
	Šifra	C.04 Uredništvo mednarodne revije		
	Objavljeno v	Public Health Genomics		
	Tipologija	1.19 Recenzija, prikaz knjige, kritika		

8. Drugi pomembni rezultati projektne skupine²

Člani raziskovalne skupine smo prejeli nagrado Harvardske bolnišnice za otroške bolezni za Prispevek h genomski medicini (2012)

9. Pomen raziskovalnih rezultatov projektne skupine⁸

9.1. Pomen za razvoj znanosti⁹

SLO

Kljub odkritju človeškega genoma raziskovalcem še ni uspelo učinkovito prenesti to znanje v napovedovanje tveganja za obolenje pogostih kompleksnih bolezni. Pokazali smo, da lahko z družinsko anamnezo pomembno prispevamo k napovednim modelom za obolenje in opozorili na pomen integracije družinske anamneze z drugimi genomskimi podatki.

ANG

In spite of the discovery of the human genome, useful predictive models based on genomic data haven't been developed for complex diseases yet. We demonstrated that family history is an important tool to improve predictive models. We also suggest integration of family history and other genomic data to improve predictive and personalised medicine.

9.2. Pomen za razvoj Slovenije¹⁰

SLO

Kompleksne, pogoste bolezni kot so koronarna srčna bolezen, sladkorna bolezen, neurodegenerativne bolezni in prezgodnji porod pomembno vplivajo na zdravje populacije, s tem pa tudi na stroške za zdravstvo in delovno produktivnost populacije. Naše delo predstavlja prispevek k zgodnjem prepoznavanju ogrožene populacije, še preden so zboleli ter posledično k učinkovitemu preprečevanju bolezni.

ANG

Complex disorders like coronary heart disease, diabetes, neurodegenerative disorder and preterm birth contribute significantly to the health burden of population. Consequently they have important economical consequences. With our research we contributed to the early identification of the at risk individuals and consequently to effective prevention of diseases.

10. 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"/>
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

--

11. 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 style="width: 150px;" 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 style="width: 150px;" 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 style="width: 150px;" 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 style="width: 150px;" type="text"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.05.	Ohranjanje in razvoj nacionalne naravne in kulturne dediščine in identitete					
	Varovanje okolja in trajnostni					

G.06.	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

--

12.Pomen raziskovanja za sofinancerje¹¹

	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		

13.Izjemni dosežek v letu 2013¹²**13.1. Izjemni znanstveni dosežek**

--

13.2. 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:

Univerza v Ljubljani, Medicinska
fakulteta

Borut Peterlin

ŽIG

Kraj in datum:

Ljubljana	14.4.2014
-----------	-----------

Oznaka prijave: ARRS-RPROJ-ZP-2014/118

- ¹ Napišite povzetek raziskovalnega projekta (največ 3.000 znakov v slovenskem in angleškem jeziku) [Nazaj](#)
- ² 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](#)
- ³ Realizacija raziskovalne hipoteze. Največ 3.000 znakov vključno s presledki (približno pol strani, velikost pisave 11) [Nazaj](#)
- ⁴ 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](#)
- ⁵ 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](#)
- ⁶ 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](#)
- ⁷ Navedite rezultate raziskovalnega projekta iz obdobja izvajanja projekta (do oddaje zaključnega poročila) v primeru, da katerega od rezultatov ni mogoče navesti v točkah 6 in 7 (npr. ni voden v sistemu COBISS). Največ 2.000 znakov, vključno s presledki. [Nazaj](#)
- ⁸ 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](#)
- ⁹ Največ 4.000 znakov, vključno s presledki [Nazaj](#)
- ¹⁰ Največ 4.000 znakov, vključno s presledki [Nazaj](#)
- ¹¹ 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](#)
- ¹² Navedite en izjemni znanstveni dosežek in/ali en izjemni družbeno-ekonomski dosežek raziskovalnega projekta v letu 2013 (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/2014 v1.03

A8-0C-09-D6-86-E0-3E-DE-6C-15-CC-BD-26-02-AC-16-B9-9D-B7-E2