

zato spoznanja omogočajo razvoj učinkovin, s katerimi bi lahko, podobno kot GIL01, nadzorovali procese v določeni bakteriji.

Danes je le manjši del raziskav na katedri za biokemijo še namenjen raziskavam naravnih učinkovin iz morskih organizmov. Predvsem nas zanima delovanje polimernih alkilpiridinijevih spojin, ki jih najdemo v nekaterih spužvah. Te spojine imajo številne biološke učinke, med drugim delujejo kot protivegetativne snovi, v celicah so uporabne kot transfekcijska sredstva, ker lahko inducirajo prehodne pore, inhibirajo acetilholinesterazo, predvsem pa se vežejo na

nekatero nikotinske acetilholinske receptorje in nanje delujejo kot inhibitorji oziroma antagonisti. Ker se specifično vežejo predvsem na $\alpha 7$ nAChR podtip, to pa so receptorji, ki se prekomerno izražajo v nekaterih rakastih celicah, bi z njihovo uporabo lahko zavrli prekomerno proliferacijo in nesmrtnost takih celic. To smo v naših raziskavah že delno dokazali, saj uporaba alkilpiridinijevih sintetičnih analogov, v rakastih celicah pljučnega adenokarcinoma sproži apoptozo in je zanje citotoksična, medtem ko nima vpliva na zdrave celice, ki ne izražajo tega podtipa nAChR (Berne et al. 2018).

Izbrane reference

- Berne, S., Čemažar, M., Frangež, R., Juntos, P., Kranjc, S., Grandič, M., Savarin, M. Turk, T., 2018. APS8 delays tumor growth in mice by inducing apoptosis of lung adenocarcinoma cells expressing high number of $\alpha 7$ nicotinic receptors. *Marine Drugs*, 16, 367, 10.3390/md16100367.
- Caveney, N.A., Pavlin, A., Caballero, G., Bahun, M., Hodnik, V., de Castro, L., Fornelos, N., Butala, M., Strynadka, N.C.J., 2019. Structural insights into bacteriophage GIL01 gp7 inhibition of host LexA repressor. *Structure*, 2, 27 (7), 1094-1102.
- Fornelos, N., Browning, D.F., Pavlin, A., Podlesek, Z., Hodnik, V., Salas, M., Butala, M., 2018. Lytic gene expression in the temperate bacteriophage GIL01 is activated by a phage-encoded LexA homologue. *Nucleic Acids Research*, 12, 46(18), 9432-9443.
- Panevska, A., et al., 2019. Pore-forming protein complexes from *Pleurotus* mushrooms kill western corn rootworm and Colorado potato beetle through targeting membrane ceramide phosphoethanolamine. *Scientific Reports*, 25, 5073.
- Skočaj, M., et al., 2014. Tracking cholesterol/ sphingomyelin-rich membrane domains with the ostreolysin A-mCherry protein. *PLoS ONE* 9, e92783.

Katedra za molekularno genetiko in biologijo mikroorganizmov

Darja Žgur Bertok, Uroš Petrovič, Nina Gunde Cimerman

Prvi in dolgoletni predstojnik katedre je bil prof. dr. Miklavž Grabnar. Njegova študijska in raziskovalna pot je bila ključna za ustanovitev katedre, kakor tudi razvoja področja molekularne genetike oziroma molekularne biologije, tako na Oddelku za biologijo BF, kot v širšem prostoru. Prof. Grabnar je študiral biologijo na Naravoslovni fakulteti Univerze v Ljubljani, doktoriral na John Hopkins University, Baltimore, ZDA, ter se podoktorsko usposabljal na University of California, Berkeley, ZDA. Po vrnitvi v Slovenijo se je leta 1971 zaposlil na Biotehniški fakulteti, Oddelku za biologijo, kjer je ostal do svoje upokojitve. Profesor Grabnar je predaval predmet Molekularna

genetika študentom Biotehniške in Medicinske fakultete. Njegova skupina je bila sprva del Katedre za fiziologijo rastlin in genetiko, v zelo skromnih prostorih na Filozofski fakulteti na Aškerčevi 2. Leta 1979 sta se skupini za Molekularno genetiko in za Biokemijo preselili v za laboratorije primernejše prostore na Krekovem trgu 1 in se združili v Katedro za biokemijo in genetiko.

Pomembna prelomnica je bil v letu 1981 izveden mednarodni tečaj z laboratorijskim delom iz Molekularne biologije in tehnologij rekombinantne DNA, ki je potekal v prostorih katedre na Krekovem trgu. Tečaj je organiziral prof. Grabnar v sodelovanju s prof. dr. Duškom



Slika / Figure 6: Prof. dr. Miklavž Grabnar.

Ehrlichom, INRA, Francija. Sodelovali so vsi člani tedanje genetske skupine in po tečaju pričeli med prvimi v Sloveniji uvajati molekularno biološke metode v svoje pedagoško in raziskovalno delo s področja genetike bakterij.

Leta 1989 se je takratni Katedri za molekularno genetiko pridružil prof. dr. Miha Janc, pred tem zaposlen na Veterinarski fakulteti oziroma na Inštitutu za mikrobiologijo Medicinske fakultete. Kmalu zatem, leta 1990, je sledila še ena selitev, tokrat v Biološko središče na Večni poti 111 in s tem pridružitve ter tesnejše povezovanje z ostalimi katedrami Oddelka za biologijo BF. Profesorja Grabnar in Janc sta bila člana skupine matičarjev za pripravo študija Mikrobiologije na Biotehniški fakulteti UL, ki se je pričel izvajati leta 1993.

S prihodom prof. Janca se je na Oddelku za biologijo vzpostavilo tudi področje mikrobiologije. Prof. Janc je prevzel predavanja iz predmeta Mikrobiologija in pričel z raziskavami na področju klinične mikrobiologije in epidemiologije. Leta 2000 je katedro zapustila asistentka dr. Maja Rupnik, ki se je kasneje zaposlila v Nacionalnem laboratoriju za zdravje, okolje in hrano (NLZOH), Maribor. Po prihodu profesorja Janca se je katedra preimenovala v Katedro za molekularno genetiko in mikrobiologijo. Prof. Janc se je 1999 leta upokojil, mikrobiološki del katedre pa je takrat prevzela prof. dr. Nina Gunde – Cimerman, ki je prišla s Kemijskega inštituta, Oddelka za biotehnologijo in industrijsko mikologijo. Genetskemu delu katedre se je leta 2016 pridružil prof. dr. Uroš Petrovič, ki je prišel z Inštituta »Jožef Stefan«.

Po upokojitvi prof. Grabnarja je bila od leta 2009 do 2018 predstojnica katedre prof. dr. Darja Žgur Bertok, 2019 je prevzela vodenje katedre prof. dr. Nina Gunde – Cimerman, prof. dr. Uroš

Petrovič pa je prevzel vodenje genetske raziskovalne skupine.

Trenutni (2020) člani katedre na učiteljskih mestih so prof. dr. Nina Gunde – Cimerman, prof. dr. Uroš Petrovič, doc. dr. Jerneja Ambrožič Avguštin, asistenti pa doc. dr. Polona Zalar, doc. dr. Martina Turk, doc. dr. Cene Gostinčar, prof. dr. Marjanca Starčič – Erjavec, doc. dr. Matej Skočaj, asist. dr. Kristina Marton, raziskovalca dr. Monika Novak Babič in dr. Zdravko Podlesek, in tehniške sodelavke Barbara Kastelic – Bokal, Iva Lipovšek in Mojca Matul.

Člani katedre sodelujejo pri izvajanju naslednjih predmetov na študijih 1. in 2. stopnje (stanje 2019/2020): Mikrobiologija, Mikrobiologija – praktikum, Genetika, Uporabnost znanj genetike, Mikologija (1. st. Biologija, BF), Molekularna biologija, Mikrobna genetika, Mikrob in patogenez, Mikrobna raznolikost in identifikacija – evkarionti, Mikologija, Industrijska mikrobiologija (1. st. Mikrobiologija, BF), Mikrobiologija, Funkcijska genomika (1. st. Biokemija, FKKT), Mikrobna ekologija (2. st. Ekologija in diverzitet, BF), Genetika evkariontov, Molekulska biologija genov, Genomika in proteomika (2. st. Molekulska in funkcionalna biologija, deloma tudi 2. st. Biološko izobraževanje, BF), Molekularna mikrobiologija, Mikrobiologija ekstremnih okolij (2. st. Mikrobiologija), Mikroskopija – praktikum (2. st. Restavratorstvo, ALUO). Na doktorskem študiju sodelujemo v programih Bioznanosti in Biomedicina. Pedagoško sodelujemo tudi pri izobraževanju učiteljev in v projektih delih z gospodarstvom in negospodarstvom, ki so namenjena vzpostavitvi medsebojnega sodelovanja ter seznanitvi študentov z delom v gospodarstvu.

Raziskovalna skupina za molekularno genetiko

Raziskovalno delo skupine za molekularno genetiko poteka v okviru raziskovalnega programa Molekularno biološke raziskave mikroorganizmov, v zadnjih letih pa delno tudi znotraj programa Toksini in biomembrane. Raziskovalno delo skupine poteka s formalnimi in neformalnimi mednarodnimi sodelovanji, prav tako pa se v luči potrebe po interdisciplinarnosti vedno bolj povezuje in prepleta z raziskovalnim delom sorodnih raziskovalnih skupin na Oddelku za

biologijo BF in na drugih slovenskih raziskovalnih inštitucijah.

Pionirske molekularno genetske raziskave v Sloveniji profesorja Miklavža Grabnarja so bile osredotočene na bakteriofage enterobakterij ter operona bakterije *Salmonella typhimurium* za sintezo aminokislina prolin. Tem so sledile raziskave sinteze antibiotika bacitracin bakterije *Bacillus subtilis* in odpornosti proti njemu. Veja raziskav odpornosti proti protimikrobnim učinkovinam, ki se je v skupini za molekularno genetiko tudi na temeljih novih eksperimentalnih tehnik razvila v več poganjkov, je zelo aktualna še danes, saj je odpornost bakterij proti antibiotikom ena najhujših groženj zdravju ljudi v svetovnem merilu. Poleg medicinsko pomembnih bakterij pa v skupini potekajo intenzivne raziskave tudi veterinarsko pomembnih patogenih bakterij. Raziskave odpornosti patogenih mikroorganizmov proti protimikrobnim učinkovinam je skupina nedavno razširila tudi na področje patogenih kvasovk. Slednje se navezuje tudi na raziskovalno delo na kvasovki *Saccharomyces cerevisiae* kot modelnem evkariontskem organizmu, ki na katedri poteka zadnjih pet let.

Osrednji modelni organizem za raziskave skupine za molekularno genetiko je bakterija *Escherichia coli*. Ta vrsta, ki je najverjetneje najboljše raziskana bakterija, je komezal prebavnega trakta ljudi, vendar pa nekateri sevi *E. coli* z geni za virulentne dejavnike povzročajo črevesne in izven-črevesne okužbe, tudi s težkim potekom. *E. coli* je pomemben indikator tudi za nadzor odpornosti proti antibiotikom in zato tudi v skupini za molekularno genetiko potekajo raziskave genomov ter odpornosti proti antibiotikom bakterije *E. coli* in drugih enterobakterij, izoliranih iz ljudi, živali in okolja. Predmet raziskav skupine so tudi kolicini, torej bakteriocini *E. coli*, ki so vpleteni v tekmovanje in nadzor bakterijskih populacij v kompleksnih ekoloških nišah, na primer v prebavnem traktu. Raziskave uravnavanja sinteze kolicinov po eni strani razkrivajo zapletene mehanizme prepletov molekularnih procesov v bakterijski celici,

po drugi strani pa lahko raziskave kolicinskih genov vodijo tudi k raziskavam uporabe kolicinov kot alternativne protimikrobne učinkovine. Le-to se lahko, poleg načina z izoliranim kolicinom, izvaja z znotrajceličnem delovanjem kolicina po konjugativnem prenosu gena za kolicin v tarčno bakterijo.

Toksini komezalnih bakterij lahko poškodujejo genom gostitelja in izzovejo tumorigenozo. Raziskave skupine razkrivajo zapise za genotoksine v genomih sevov *E. coli*. Primer le-tega je bakteriocinu podoben genotoksin Usp, katerega gen je lociran na relativno majhnem genomskem otoku in ima zapletene mehanizme uravnavanje sinteze. Genotoksin *E. coli* kolibaktin pa je zapisan v drugem genomskem otoku, skupaj z genom clbS. Zanimivo je, da protein ClbS z več mehanizmi ščiti producenta pred delovanjem kolibaktina, tudi fizično z vezavo DNA, vendar z zaenkrat še neznanim molekularnim mehanizmom.

Sinteza kolicinov je uravnavana z represorjem LexA, ki uravnava tudi odziv SOS za popraviljanje poškodb DNA bakterij. Raziskave skupine so bile še posebej osredotočene na molekularni mehanizem vezave proteina LexA na DNA. Sistem SOS ima širšo vlogo tudi pri horizontalnih prenosih DNA, izražanju genov toksinov, razvoju odpornosti, perzistence in tolerance na antibiotike, posledično je lahko tarča za nove protimikrobne učinkovine.

Hiter razvoj na področju molekularne biologije v zadnjih dveh desetletjih je omogočil razširitev raziskav skupine za molekularno genetiko s posamičnih organizmov na mikrobne združbe. Raziskovalci skupine so tako vključeni v metagenomske raziskave, ki začenjajo razkrivati skrivnosti mikrobnih združb od ekstremnih okolij do prebavnega trakta nosečnic. V slednjem primeru potekajo raziskave o vplivu dejavnikov na sestavo mikrobnih združb, ki se na predhodne raziskave skupine navezujejo preko hipoteze, da bi specifični sevi bakterije *E. coli* lahko bili indikator disbioze pri določenih bolezenskih stanjih.

Izbrane reference

- Ball, W.B., Baker, C.D., Neff, J.K., Apfel, G.L., Lagerborg, K.A., Žun, G., Petrovič, U., Jain, M., Gohil, V.M., 2018. Ethanolamine Ameliorates Mitochondrial Dysfunction in Cardiolipin-Deficient Yeast Cells. *Journal of Biological Chemistry*, 293, 10870.

- Godec, P., Pančur, M., Ilenič, N., Čopar, A., Stražar, M., Erjavec, A., Pretnar, A., Demšar, J., Starič, A., Toplak, M., Žagar, L., Hartman, J., Wang, H., Bellazzi, R., Petrovič, U., Garagna, S., Zuccotti, M., Park, D., Shaulsky, D., Zupan, B., 2019. Democratized Image Analytics by Visual Programming Through Integration of Deep Models and Small-Scale Machine Learning. *Nature Communications*, 10, 4551.
- Kamenšek, S., Browning, D.F., Podlessek, Z., Busby, S.J.W., Žgur-Bertok, D., Butala, M., 2015. Silencing of DNase colicin E8 gene expression by a complex nucleoprotein assembly ensures timely colicin induction. *PLoS Genetics*, 11, 1.
- Kogovšek, P., Ambrožič, J., Dovč, A., Dreo, T., Hristov, H., Krapež, U., Ravnikar, M., Slavec, B., Lotrič, M., Žel, J., Zorman-Rojs, O. 2018. Loop-mediated isothermal amplification : rapid molecular detection of virulence genes associated with avian pathogenic *Escherichia coli* in poultry. *Poultry Science*, 98, 1500.
- Kuznetsova, M.V., Gizaizatullina, J., Nesterova, L. J., Starčič Erjavec, M., 2020. *Escherichia coli* isolated from cases of colibacillosis in Russian poultry farms (Perm Krai): sensitivity to antibiotics and bacteriocins. *Microorganisms*, 8, 1.
- Mogrovejo, D.C., Perini, L., Gostinčar, C., Sepčič, K., Turk, M., Ambrožič, J., Brill, F.H.H., Gunde-Cimerman, N., 2020. Prevalence of antimicrobial resistance and hemolytic phenotypes in culturable Arctic bacteria. *Frontiers in Microbiology*, 570, 1.
- Molan, K., Podlessek, Z., Hodnik, V., Butala, M., Oswald, E., Žgur Bertok, D., 2019. The *Escherichia coli* colibactin resistance protein ClbS is a novel DNA binding protein that protects DNA from nucleolytic degradation. *DNA Repair*, 79, 50.
- Rihtar, E., Žgur Bertok, D., Podlessek, Z., 2020. The uropathogenic specific protein gene *usp* from *Escherichia coli* and *Salmonella bongori* is a novel member of the TyrR and H-NS regulons. *Microorganisms*, 8, 1.
- Zorman-Rojs, O., Zdovc, I., Dovč, A., Žgajnar, J., Slavec, B., Krapež, U., Ambrožič, J., 2019. Presence and distribution of extended-spectrum and AmpC beta-lactamases-producing *Escherichia coli* on poultry farms in Slovenia. *The Journal of Applied Poultry Research*, 28, 200.
- Železni Ramuta, T., Starčič Erjavec, M., Erdani-Kreft, M. 2020. Amniotic membrane preparation crucially affects its broad-spectrum activity against uropathogenic bacteria. *Frontiers in Microbiology*, 11, 1.

Raziskovalna skupina za biologijo mikroorganizmov

Raziskovalno delo skupine za Biologijo mikroorganizmov delno poteka v okviru raziskovalnega programa MF UL Molekulski mehanizmi uravnavanja celičnih procesov v povezavi z nekaterimi boleznimi pri človeku in v okviru IC Mycosmo. Raziskovalna skupina ima vzpostavljena mnoga interdisciplinarna mednarodna sodelovanja, sodeluje pa tudi z raziskovalnimi skupinami na Oddelku za biologijo in drugimi oddelki BF in različnimi slovenskimi raziskovalnimi institucijami.

Raziskovalno delo Katedre za molekularno genetiko se je s pridružitvijo prof. Janca leta 1989 razširilo na področje mikrobioloških raziskav, katedra pa se je preimenovala v Katedro za molekularno genetiko in mikrobiologijo. Prof. Janc

je vpeljal klinične in epidemiološke raziskave. Osredotočil se je na bakterijo *Escherichia coli* in sposobnost sinteze hemolizinov in na bakterije rodu *Salmonella* v povezavi s prašičjo gripo. Pričel je z rutinsko diagnostiko za določevanje bakterij rodu *Campylobacter* in različnih anaerobnih bakterij ter sodeloval pri postavitvi anaerobnih laboratorijev na BF, VF in MF UL. Uvedel je imunofluorescentne metode za detekcijo povzročitelja stekline in se skupaj z asistentko Majo Rupnik poglobil v diagnostiko in virulentne dejavnike bakterije *Clostridium difficile*.

Po upokojitvi prof. Janca in prihodu prof. Gunde-Cimerman v skupino (1999) se je težišče raziskovalnega dela premaknilo na glive v ekstremnih okoljih in se osredotočilo zlasti na njihove interakcije z okoljem, molekularne prilagoditve na ekstreme razmere, biotehnoško uporabnost in oportuno patogenost. Te raziskave so nekaj

časa potekale znotraj nove Katedre za biologijo mikroorganizmov, kmalu pa, tokrat organizirane v Raziskovalno skupino za biologijo mikroorganizmov, spet kot del enotne Katedre za molekularno genetiko in biologijo mikroorganizmov. Raziskave ekstremofilov so se začele z odkritjem slanljubnih gliv v Sečoveljskih solinah, kasneje pa še v drugih solinah po svetu. Za identifikacijo gliv so v skupini uvedli molekularne metode, ki so se takrat v mikologiji šele začele uporabljati. Molekularne prilagoditve na življenje v izjemno slanem okolju so skupaj s sodelavci z Inštituta za biokemijo MF preučevali na ekstremofilnih črnih kvasovkah, zlasti na črni kvasovki *Hortaea werneckii*, ki lahko raste brez soli pa vse do nasičenja s soljo (več kot 30% NaCl) in na halotolerantni črni kvasovki *Aureobasidium pullulans*. Obe glivi sta postali uveljavljena modelna organizma za halofilne raziskave evkariontov.

Raziskave gliv v ekstremnih okoljih so kasneje razširili na ledenike na Arktiki in kot prvi na svetu opisali populacije gliv v ledeniškem subglacialnem ledu in v črnem ledu grenlandskega ledenega pokrova. Seznam ekstremnih okolij, ki jih naseljujejo glive, so razširili še na človeška domovanja, zlasti na gospodinjske naprave. Pogoji v pomivalnih in pralnih strojih so namreč ekstremni: temperatura med 40-60 °C, alkalen pH, strižne sile in oksidativni stres. Pri teh pogojih se selektivno namnožijo le izbrane oportuno patogene glive, med katerimi je najpomembnejša nevtrotopna črna kvasovka *Exophiala dermatitidis*, ki povzroča okužbe možgan. Članek o tem odkritju se je viralno razširil in dosegel več kot 500 milijonov ljudi po celem svetu. Raziskovalna skupina se ukvarja tudi z mikroorganizmi, ki naseljujejo in potencialno uničujejo objekte kulturne dediščine, od oljnih slik,

fresk, do kipov in grobnic, ter skupaj z restavratorji sodeluje pri njihovi sanaciji.

V okviru raziskovalne skupine deluje Infrastrukturni center Mycosmo, ki opravlja štiri med seboj povezane osnovne dejavnosti: 1. shranjevanje izoliranih in identificiranih mikroorganizmov v genski banki Ex, ki obsega največjo zbirko ekstremofilnih gliv na svetu (15.000 sevov gliv, 5.000 sevov bakterij); 2. temeljne in aplikativne mikološke storitve in raziskave, v okviru katerih sodeluje s slovensko in tujo industrijo in različnimi javnimi ustanovami; 3. molekularne raziskave adaptacij na ekstremne pogoje, s poudarkom na biotehnoškem potencialu in virulentnih dejavnikih; 4. preučevanje genomov ekstremofilnih gliv in razširjanje podatkov ter znanja. V letu 2010 je IC Mycosmo kot prvi v Sloveniji določil genomsko zaporedje evkariontskega organizma. V nadaljevanju je kot vodilna organizacija sodeloval pri določanju genomskega zaporedja še petih drugih ekstremofilnih gliv. To delo se nadaljuje v sodelovanju z enim od največjih centrov za sekvenciranje na svetu, kitajskim inštitutom BGI, z določevanjem več kot 200 genomov gliv iz ekstremnih okolij in s sekvenciranjem genoma človeške ribice *Proteus anguinus*, ki je trenutno največji sekvenciran živalski genom. Genomske raziskave nadgrajujejo z bioinformatičnimi analizami izbranih genov povezanih z ekstremotoleranco in z analizami populacijske genomike. Vse genomske in transkriptomske podatke, pa tudi podatke o kulturah ekstremofilnih gliv in bakterij v genski banki Ex javno sproti objavljajo in jih s tem dajejo na razpolago znanstveni skupnosti, s čimer so slovenske raziskave ekstremofilnih gliv in Infrastrukturni center Mycosmo deležni vse večje prepoznavnosti tudi v svetovnem merilu.

Izbrane reference

- Butinar, L., Spencer-Martins, I., Gunde-Cimerman, N., 2007. Yeasts in high Arctic Glaciers : the discovery of a new habitat for eukaryotic microorganisms. *Antonie van Leeuwenhoek : International Journal of General and Molecular Microbiology*, 91 (3), 277-289.
- Gostinčar, C., Zajc, J., Lenassi, M., Plemenitaš, A., de Hoog, S., Al-Hatmi, A., Gunde-Cimerman, N., 2018. Fungi between extremotolerance and opportunistic pathogenicity on humans. *Fungal Diversity*, 93 (1), 195-213.
- Gostinčar, C., Turk, M., Zajc, J., Gunde-Cimerman, N., 2019. Fifty *Aureobasidium pullulans* genomes reveal a recombining polyextremotolerant generalist. *Environmental Microbiology*, 21 (10), 3638-3652.
- Gunde-Cimerman, N., Zalar, P., de Hoog, S., Plemenitaš, A., 2000. Hypersaline waters in salterns: natural ecological niches for halophilic black yeasts. *FEMS Microbiology Ecology*, 32 (3), 235-240.

- Lenassi, M., Gostinčar, C., Jackman, S., Turk, M., Sadowski, I., Nislow, C., Gunde-Cimerman, N., Plemenitaš, A., et al., 2013. Whole genome duplication and enrichment of metal cation transporters revealed by de novo genome sequencing of extremely halotolerant black yeast *Hortaea werneckii*. *Plos One*, 8, 8.
- Perini, L., Gostinčar, C., Anesio, A., Williamson, C., Tranter, M., Gunde-Cimerman, N., 2019. Darkening of the Greenland ice sheet: fungal abundance and diversity are associated with algal bloom. *Frontiers in Microbiology*, 10, 1-14.
- Rupnik, M., Braun, V., Soehn, F., Janc, M., Hofstetter, M., Laufenberg-Feldmann, R., von Eichel-Streiber, C., 1997. Characterization of polymorphism in the toxin a and b genes of *Clostridium difficile*. *FEMS Microbiology Letters*, 148, 197-202.
- Zajc, J., Liu, Y., Dai, W., Yang, Z., Hu, J., Gostinčar, C., Gunde-Cimerman, N., 2013. Genome and transcriptome sequencing of the halophilic fungus *Wallemia ichthyophaga*: haloadaptations present and absent. *BMC Genomics*, 14, 617.
- Zalar, P., de Hoog, S. Schroers, H. J., Frank, J. M., Gunde-Cimerman, N., 2005. Taxonomy and phylogeny of the xerophilic genus *Wallemia* (Wallemiomycetes and Wallemiales, cl. et ord. nov.). *Antonie van Leeuwenhoek : International Journal of General and Molecular Microbiology*, 87, 311-328.
- Zalar, P., Novak Babič, M., de Hoog, S., Gunde-Cimerman, N., 2011. Dishwashers - a man-made ecological niche accommodating human opportunistic fungal pathogens. *Fungal Biology*, 115 (10), 997-1007.

Skupina za biološko izobraževanje

Iztok Tomažič

Biološka didaktika se je kot ena izmed specialnih didaktik v slovenskem prostoru pričela intenzivneje razvijati leta 1964. Tega leta so na takratnem Zavodu za šolstvo, ki ga je vodil Brane Vesel, med učitelji izvedli anketo o poučevanju bioloških vsebin. Rezultati ankete so bili podlaga za uvajanje sprememb na področju biološkega izobraževanja, predvsem na srednjih šolah. Skoraj desetletje je preteklo, preden je izšel tudi prevod t. i. Modre knjige („Od molekule do človeka“, 1974), katere urednik je bil botanik Franc Sušnik. S spreminjanjem srednješolskega izobraževanja pa se je pojavila tudi potreba po ustanovitvi skupine za specialno didaktiko. Vodenje te skupine je prevzel Brane Vesel. Leta 1974 se je katedri priključila Tatjana Verčkovnik, leto kasneje Rudi Očepek, nekaj let za njim pa tudi Dušan Vrščaj. Vsi so se v večji meri ukvarjali z izobraževanjem osnovnošolskih in srednješolskih učiteljev ter pripravo učnih gradiv za omenjena nivoja šolanja. Veliko truda in energije so vložili v pripravo seminarjev za učitelje, v sklopu katerih so spodbujali izkustveno učenje v želji, da bi učitelji učencem približali naravo/biologijo na čim bolj konkreten način in s tem gradili na znanju, spretnostih in stališčih učencev in dijakov. Pri teh aktivnostih se jim je

leta 1985 pridružila Jelka Strgar. Velik zalogaj je predstavljala prenova osnovne šole, ki se je odvila v že samostojni Sloveniji. Rezultat tega dela sta bila leta 1998 prenovljena učna načrta Naravoslovje in Biologija. V vseh letih od ustanovitve katedre so bili njeni člani aktivni predvsem pri strokovnih objavah na področju biološke didaktike. Leta 2008 je vodenje Skupine za biološko izobraževanje za kratek čas prevzela Barbara Vilhar. Od leta 2013 pa Skupino za biološko izobraževanje in drugostopenjski študijski program Biološko izobraževanje vodi Iztok Tomažič.

Člani skupine za biološko izobraževanje trenutno sodelujejo v študijskih programih Biotehniške, Pedagoške, Filozofske in Zdravstvene fakultete. Na Biotehniški fakulteti je akreditiran drugostopenjski študijski program Biološko izobraževanje (<http://www.bf.uni-lj.si/dekanat/studijski-programi/2-bolonjska-stopnja-magistrski-studiji/biološko-izobraževanje/>). Razpisan je vsako drugo leto. Ta študijski program je edini študijski program v Sloveniji, ki je namenjen usposabljanju bodočih učiteljev biologije v gimnazijskih programih. V študijskem letu 2019/2020 je bila na Biotehniški fakulteti v prvi letnik prenovljenega programa Biološko izobraževanje vpisana tretja generacija