

Oznaka poročila: ARRS-RPROJ-ZP-2015/74



ZAKLJUČNO POROČILO RAZISKOVALNEGA PROJEKTA

A. PODATKI O RAZISKOVALNEM PROJEKTU

1. Osnovni podatki o raziskovalnem projektu

Šifra projekta	J4-4300
Naslov projekta	Geni, ki pogojujejo aromatiko vina
Vodja projekta	22504 Lorena Butinar
Tip projekta	J Temeljni projekt
Obseg raziskovalnih ur	5920
Cenovni razred	F
Trajanje projekta	07.2011 - 06.2014
Nosilna raziskovalna organizacija	1540 Univerza v Novi Gorici
Raziskovalne organizacije - soizvajalke	105 Nacionalni inštitut za biologijo
Raziskovalno področje po šifrantu ARRS	4 BIOTEHNIKA 4.06 Biotehnologija 4.06.04 Mikrobna biotehnologija
Družbeno-ekonomski cilj	06. Industrijska proizvodnja in tehnologija
Raziskovalno področje po šifrantu FOS	2 Tehniške in tehnološke vede 2.09 Industrijska biotehnologija

B. REZULTATI IN DOSEŽKI RAZISKOVALNEGA PROJEKTA

2. Povzetek raziskovalnega projekta¹

SLO

Spojine, odgovorne za vidne karakteristike vina, aromo, strukturo in teksturo izvirajo iz vsaj treh večjih virov: grozdja, mikrobov in lesenih sodov. Profil arome (oz. vonja in okusa) pri vinu določa skoraj neskončno število različnih kombinacij. Iz določenega grozdja lahko z izbiro različnih tehnoloških postopkov pridelamo vino z značilnim aromatičnim profilom. Izbira kvasovk za fermentacijo je lahko zelo močno orodje pri doseganju zaželenih senzoričnih rezultatov, vendar je njihov potencial še

vedno preslabo poznan in razvit. Kvasovke so sicer med glavnimi mikroorganizmi pri proizvodnji hrane in se že tisočletja uporabljajo za proizvodnjo vina, piva in peko kruha. V zadnjih desetletjih pa je bilo v laboratoriju raziskanih le malo vrst kvasovk in samo nekatere so bile uporabljene v različnih kontroliranih biotehnoloških procesih. Biodiverzitetna kvasovk tako predstavlja zelo velik, še neizkoriščen rezervoar za potencialne inovacije v živilskem sektorju, na primer v obliki novih izolatov, ki bi razvili karakteristične aromatične profile.

Namen tega projekta je bil preučevati različne vrste kvasovk in njihove gene, ki so odgovorni za specifične znane arome pri vinu kot tudi raziskati nove potencialne aromatične snovi in razviti/izbrati seve kvasovk z različnimi aromatičnimi profili. Naraščajoči trend uporabe čistih starterjev v živilski industriji je močno zmanjšal diverzitetu med trenutno uporabljenimi vrstami/sevi kvasovk. Zato smo se v projektu osredotočili na dve večji skupini kvasovk: *Saccharomyces/Kluyveromyces* in *Brettanomyces/Dekkera*, ki sta znani po svoji vpletenosti v procese pridelave vin.

Glede na zastavljen program in cilje v okviru projekta smo izvedli: (i) bioinformatične analize genoma kvasovke *D. bruxellensis*, ki je bil pravkar določen znotraj naše skupine); (ii) razvili novo orodje RNAi za utišanje tarčnih genov pri kvasovkah *S. uvarum* in *S. pastorianus/carlsbergensis*; (iii) izvedli mikrofermentacije naravnega mošta grozdne sorte 'Rebula' z izbranimi "NIZO" kvasovkami (predhodna selekcija za živilsko industrijo izvedena v okviru projekta EU ITN Cornucopia) z namenom izboljšanja aromatskega profila (iv) raziskave divjih kvasovk in njihova povezava med genotipom in fenotipom ter njihov biotehnološki potencial.

ANG

The compounds responsible for wine appearance, aroma, flavor and mouth-feel properties are derived from three major sources, grapes, microbes and barrel wood. The aroma and flavour profile of wine is determined by an almost infinite number of variations. In addition to the grapes selected, one can employ a variety of processes and tools to produce wines with specific aroma and flavour profiles. The choice of yeasts for fermentation could be a very powerful tool to produce desirable sensory results, but its potential is still poorly understood and developed. Yeast are among the major food production microorganisms and have been used for millenia for the production of wine, beer and leaven bread. During the last decades only a few yeast species have been studied in the laboratory and only a few have been used in various controlled biotech processes. A majority of yeasts has so far remained largely unexplored both in fundamental studies and for possible commercialisation. Yeast biodiversity constitutes a huge, untapped reservoir for potential innovation in the food sector, for example in the form of new isolates for production of new aroma compounds.

The aim of this project was to study yeast genes which are responsible for specific known wine aroma as well as to explore new potential aromatic compounds, and develop/select yeast strains with different aroma profiles. In food industry the increasing trend of using pure starter cultures has strongly decreased the diversity among the currently employed yeast species and even the strains within a species. That is why we focused on two larger yeast groups, the *Saccharomyces/Kluyveromyces sensu lato* and *Brettanomyces/Dekkera* clade, which are known to be associated with the wine-making process.

According to the program and objectives of the project we carried out: (i) bioinformatic analysis of the genome of the yeast *D. bruxellensis*, which was just recently sequenced within our group; (ii) we developed a new RNAi tool for silencing of target genes in the yeast *S. uvarum* and *S. pastorianus / carlsbergensis*; (iii) we carried out microfermentations of must from grape variety 'Rebula' with selection of five non-conventional "NIZO" yeast (previous selection for food industry performed inside project EU ITN Cornucopia) in order to improve aromatic profile (iv) research of wild yeasts and their relation between genotype and phenotype and their biotechnological potential.

3. Poročilo o realizaciji predloženega programa dela na raziskovalnem projektu²

Kvasovka *Dekkera/Brettanomyces bruxellensis* lahko povzroča ogromne ekonomske izgube v vinarski industriji zaradi tvorbe neželenih fenolnih spojin. Čeprav je daljna sorodnica pekavske kvasovke *Saccharomyces cerevisiae*, imata nekaj skupnih lastnosti, kot je tvorba visokih koncentracij etanola in sposobnost rasti v odsotnosti kisika. V nekaterih živilskih proizvodih (npr. lambrijsko pivo) lahko *D. bruxellensis* bistveno prispeva k razvoju aromatičnosti. V letu 2011 smo določili 13.4 Mb veliko genomsko sekvenco seva Y879 (CBS 2499) in poskušali dognati genetsko ozadje nekaterih lastnosti, ki so pomembne za hrano ter evolucijsko zgodovino teh kvasovk. Presenetljivo je, da smo ugotovili, da je ta kvasovka filogenetsko daleč od drugih kvasovk, ki so s hrano povezane ter najbolj blizu kvasovki *Pichia (Komagataella) pastoris*, ki je aerobna, šibka proizvajalka etanola. Nadalje smo pokazali, da genom *D. bruxellensis* ne vsebuje veliko podvojenih genov, ki so značilni za to linijo, niti horizontalno prenešenega gena *URA1*. Ta dva ključna dogodka sta namreč spodbudila razvoj pomembnih lastnosti linije *S. cerevisiae*. So se pa pri *D. bruxellensis* nekajkrat neodvisno podvojili *ADH* geni in *ADH*-podobni geni, ki so verjetno odgovorni za metabolizem alkoholov, vključno z etanolom, ter seriji aromatičnih spojin. Skratka, razvojljane genomске sekvence odpirajo veliko možnosti za preučevanje genetskega ozadja s hrano povezanih lastnosti, kot tudi za razumevanje evolucijskih procesov v ozadju razvoja fermentativne presnove in sposobnosti teh kvasovk, da se lahko uveljavijo v anaerobnih nišah.

V letu 2012 smo skupaj z našimi sodelavci na Cornell University določili genomsko sekvenco še štirih kvasovk, ki pripadajo rodu *Dekkera/Brettanomyces*. S primerjalno genomiko smo študirali gene, ki so pomembni za metabolizem ogljika, recimo fermentacijske in respiratorne sposobnosti. Odkrili in študirali smo tudi promotorske elemente, RGE, ki v teh kvasovkah pospešujejo prepis genov, ki kodirajo encime glikolize, fermentacije, Krepsovega cikla in respiratorne verige. Razvojljane genomске sekvence sorodnih kvasovk odpirajo veliko možnosti za preučevanje genetskega ozadja s hrano povezanih lastnosti, kot tudi za razumevanje evolucijskih procesov v ozadju razvoja fermentativne presnove in sposobnosti teh kvasovk, da se lahko uveljavijo v anaerobnih nišah. Organizirali smo tudi delavnico, ki se je osredotočila na primerjalno genomiko, za doktorske študente iz vse Slovenije. Udeležilo se jo je preko dvajset slušateljev.

Nedavno je laboratorij D. Bartel-a (na MIT-ju) poročal o prisotnosti RNAi sistema pri kvasovki *S. castellii*, ki je bližnja sorodnica *S. cerevisiae* in večini vinskih kvasovk. Začeli smo razvijati plazmidne kasete, prilagojene različnim kvasovkam, ki bodo predstavljale edinstveno orodje za utišanje tarčnih genov. Sedaj popolnoma obvladamo protokol transformacije za vnos DNA konstruktov v *D. bruxellensis* in tudi v druge vinske kvasovke. Razvili smo plazmidne kasete, ki nosijo RNAi gene, Dicer in Argonaute, ter jih vnesli v vinske seve *S. cerevisiae*, *S. uvarum* in *S. carlsbergensis*. Z vnosom v lokus rDNA smo razvili stabilne seve teh kvasovk, ki tako predstavljajo edinstveno orodje za utišanje tarčnih genov. V stabilne seve smo nato začinjali vnašati nove plazmide za utišanje genov, ki so povezani z aromo, in sicer gena *ILV*, ki sodelujejo pri presnovi diacetila, spojine, ki prispeva k okusu po maslu, ter gena *ARO*. Izražanje teh genov smo nato študirali s pomočjo uporabe qPCR in mikročipov.

Znotraj sodelovnjaja z EU ITN konzorcijem Cornucopia smo dobili tudi ducat sevov kvasovk (imenovane tudi NIZO kvasovke), ki kažejo zanimive aromatske profile. Te NIZO kvasovke so bile izbrane izmed 8.000 kvasovk, ki jih premore zbirka CBS v Utrechtu, po vrsti selektivnih testov. Zastavili smo sukcesivne mikrofermentacije s petimi izbranimi ne-konvencionalnimi kvasovkami in dodano komercialno kvasovko *S. cerevisiae* po 60-urni fermentaciji na moštu grozdne sorte 'Rebula'. Med potekom in fermentacije smo spremljali sledeče parametre: (i) izginjanje sladkorja, (ii) pojav alkohola, (iii) rast kvasnih celic, (iv) tekmovanje med kvasovkami, (v) aromatski profil. Po koncu fermentacije smo izvedli tudi senzorično analizo. Ugotovili smo, da imata dva seva iz rodov *Kazachstania* in *Zygosaccharomyces* enološki potencial za proizvodnjo vina, ker povečata sadnost vinu.

Glede zasledovanja kvasovk smo razvijali DGE metodo na MBP v Piranu. V

sodelovanju z IASMA Inštitutom (Fondazione Edmond March, San Michele All'Adige, Italija) pa smo razvili kromatografsko analitsko metodo ob uporabi SMPE/HS-GC/MS scan tehnike in sicer z namenom določanja v moštu oz. vinu prisotnih posameznih aromatskih spojin oz. njihovih skupin (npr. estri, višji alkoholi in kisline) Rezultati tega dela so bili zbrani v obliki znanstvenega članka z naslovom "Yeast biodiversity approach improves the Ribolla Gialla wine aroma profile", ki je bil letos odposlan v revijo Journal of Industrial Microbiology & Biotechnology.

V letu 2013 smo pričeli s sodelovanjem z Odd. za genetiko na Univerzi Washington iz St. Louis-a, ZDA (prof. Justin Fay) v okviru bilateralnega sodelovanja med Slovenijo in ZDA (ARRS šifra: BI-US/13-14-028). Divje kvasovke, ki so prisotne v bližini vinogradov in z njimi povezanimi ekološkimi nišami, imajo lahko ključno vlogo pri spontani fermentaciji mošta/vina. Zanimivo je tudi vprašanje, ali imajo te kvasovke, ki živijo v teh različnih nišah podoben ali različen genetski in fenotipski potencial. Se pravi, kakšna je genetska diverziteteta iste vrste, če živi v različnih nišah, ali imajo sevi kvasovk iste vrste podobne ali različne lastnosti. Da bi preučili pojavljanje kvasovk *Saccharomyces*, smo začeli med leti 2013-2014 izolirati, identificirati in karakterizirati vrste kvasovk iz vinogradov in drugih, z vinogradi nepovezanih okolij s pomočjo gojišč z visoko vsebnostjo sladkorja in etanola, ki pospešuje fermentacijsko rast pri anaerobnih pogojih. Vzorčili smo v vinorodnih okoliših Krasa, Vipavske doline in Brd/ Colli-Orientali. Identificirali smo približno 900 izolatov, pri čemer se je izkazalo, da je največ *S. cerevisiae* sevov ali sevov sorodne *S. paradoxus*.

Med 2013-2014 smo preučili vrste iz rodu *Saccharomyces* v sedmih vinogradih in štirih ne-vinogradniških lokacij (gozdovi) v vinorodnih okoliših Kras, Vipavska dolina in Brda / Colli Orientali. Za izolacijo smo uporabili gojišče z visoko vsebnostjo sladkorja in etanolom, ki pospešuje fermentacijsko rast v anaerobnih pogojih. Od 1.300 vzorcev, zbranih v letu 2013, smo pridobili približno 900 izolatov. Pridobljene izolate smo analizirali z molekularnimi metodami v cilju, da bi identificirali *Saccharomyces sensu stricto* skupino (multipleks PCR test; Nardi et al (2006) FEMS Microbiol Lett 264: 168.). Izolate, identificirane kot *Saccharomyces sensu stricto* smo nadalje razvrstili s pomočjo ITS-PCR ribotipizacije (McCullough et al. (1998). Kot je bilo pričakovati, smo našli veliko sevov vrste *S. cerevisiae* ali njene sorodne vrste *S. paradoxus*, ki je neudomačena vrsta.

S primerjavo lokacij vzorčenja in substratov (lubje, zemlja, itd) smo ugotovili, da je vrsta *S. paradoxus* pogostejša kot *S. cerevisiae* na hrastovem lubju in hrastovih tleh in sicer tako v vinogradih kot gozdovih.

Nasprotno je bila vrsta *S. cerevisiae* pogostejša na grozdju, v vinogradu in v tleh vinogradov. Vendar pa smo ugotovili tudi precejšnje razlike med lokacijami vzorčenja pri čemer so imeli nekateri vinogradi več *S. cerevisiae* na hrastovih drevesih. Na splošno je bila vrsta *S. cerevisiae* redka na večini ne-vinogradniških lokacijah z izjemo področja Vipavskega gradu.

Za genotipizacijo sevov *S. cerevisiae* smo uporabili RAD-seq (Cromie et al (2013) G3: Genes, Genomes, Genetics 3: 2163) in jih primerjali z drugimi vrstami izoliranimi iz različnih geografskih lokacij in okoljskih niš. Naše primerjave kažejo, da se večina slovenskih sevov *S. cerevisiae* grupira z drugimimi evropskimi sevi, vendar pa ne vse. Vzporedno smo v naše raziskave združbe začeli uvajati tudi pristop Illumina metabarcoding, novo direktno, od kultivacije neodvisno metodo s pomnoževanjem in sekveniranjem DNK, pridobljene direktno iz pribl. 40 v oktobru 2013 odvzetih vzorcev, in molekularno identifikacijo vrst s pomočjo uporabe ITS barcoding. Naša analiza je pokazala 100-600 rodov (več 1000 vrst) v vsakem vzorcu, z več raznolikosti v vzorcih tal in lubja kot v vzorcih mošta. V moštu smo našli zelo malo vrst, ki niso bile prisotne v vzorcih tal in lubja. Medtem ko so bile *Lecanomyces* (lihenizirane glive) in *Agaricomycetes* (gobe) pogoste v vzorcih zemlje in lubja, so bile *Saccharomycetes* in *Leotimycetes* pogostejše v vzorcih mošta. Ti vključujejo vrste, ki povzročajo sivo grozdno gnilobo (*Botrytis cinerea*, (*Botryotinia fuckeliana*) in druge plesni, kot so *Alternaria napiformis* in *Aspergillus niger*), pa tudi vrste, o katerih so poročali, da pozitivno prispevajo k vonju/aromi vina (*Saccharomyces bacillaris* (syn. *Candida zemplinina*) in *Metschnikowia pulcherrima*).

Poleg tega smo v času trgatve 2014 zbrali tudi več kot 200 vzorcev iz vinogradov,

obdelanih z različnimi vinogradniškimi tehnikami in vinifikacij laboratorijskega in industrijskega obsega (večinoma spontanij fermentacij) z namenom izvedbe »deep community sequencing«. Te vzorce trenutno še obdelujemo in jih bomo predvidoma sredi leta 2015 poslali v objavo v obliki znanstvenega članka.

Začetna raziskovalna dela in predvsem uvajanja so potekala tudi drugje, bioinformatika, genomika in molekularna genetika na Univerzi v Lundu (Švedska) in metabolomika na inštitutu Fondazione Edmund Mach (FEM) v San Michelah (Italija). Dr. L. Butinar se je uvajala na področju molekularne biologije kvasovk pri prof. J. Piškurju na Univerzi v Lundu (Švedska), kjer je v sklopu gostujočega laboratorija razvijala novo orodje RNAi pri kvasovki *S. uvarum*. M. Sternad Lemut se je tudi izpopolnjevala pri prof. J. Piškurju in sicer je izvajala poskuse fermentacij v bioreaktorjih. M. Sternad Lemut in dr. K. Trošt sta se izpopolnjevala s področja aromatik vina in plinske kromatografije pri dr. U. Vrhovšek na IASMA FEM (Italija). Leta 2014 sta L. Butinar in S. Dashko obiskali skupino J. Fay v St. Louisu na Univerzi Washington. Med obiskom sta začeli spoznavati bioinformacijska orodja za analize podatkovnih baz.

V letu 2012 se je Center za raziskave vina preselil v nove prostore v dvorcu Lanthieri v Vipavi, kjer se postavlja tudi laboratorij za molekularno biologijo kvasovk.

Sodelavci Centra za raziskave vina Univerze v Novi Gorici so sodelovali tudi pri organizaciji mednarodnega simpozija ISSY31, ki je potekal med 9. - 12. 10. 2014 v Vipavi na UNG in v Novi Gorici na temo fermentacij s kvasovkami. Simpozij je bil posvečen tudi spominu na delo in življenje nedavno preminulega vodjo projekta Jureta Piškurja.

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

Na področju molekularne biologije in genetike kvasovk smo se osredotočali na:

(i) Karakterizacijo kvasnih genov, ki so vključeni v sintezo aromatičnih spojin
 Aromatični profil vina vsebuje več tisoč spojin, večino teh določa ravno genetski potencial kvasovk. Do sedaj je bilo karakteriziranih le majhno število genov, ki so posredno ali neposredno vključeni v aromatični profil. Ker pristop delecije genov ne omogoča vedno uspešne povezave aromatične spojine z odgovornim genom, smo v ta namen razvili nabor RNAi orodij. S pomočjo RNAi orodja le delno zmanjšamo izražanje tarčnega gena, vendar z jasno vidnim fenotipom. V letu 2013 sta bila razvita dva vinska seva, ki omogočata izražanje RNAi konstruktov. Ta dva seva smo transformirali z geni Dicer in Argonate, ter dobili relativno genetsko stabilne konstrukte. Več plazmidov, ki so vsebovali "antisense" ali "hairpin" konstrukte proti z aromo povezanim genom, kot so npr. *ILV* in *ARO* geni, smo razvili in vnesli v seve kvasovk. V sodelovanju z Univerzo v Lundu smo v letu 2014 s pomočjo uporabe qPCR študirali izražanje genov pri transformiranih sevih ter zasledili le pri markerskem genu *ADE2* zmanjšano izražanje, za ostale tarčne gene pa bo potrebno izvesti nadaljnjo optimizacijo vzorčenja in ekstrakcije RNA. V sodelovanju z IJS in NIB-om pa so bile v letu 2014 izvedene še analize izražanja genov pri transformiranih sevih z uporabo mikročipov, podatke bomo obdelali v letu 2015.

Na osnovi poskusnih mikrofermentacij naravnega mošta s pomočjo izbora NIZO kvasovk ugotovili, da imata dva seva iz rodov *Kazachstania* in *Zygosaccharomyces* enološki potencial, ker povečata sadnost.

(ii) Divje kvasovke in njihova povezava med genotipom in fenotipom ter njihov biotehnološki potencial. V letu 2013 smo pričeli s sodelovanjem s prof. J. Fay-em iz Univerze Washington. Divje kvasovke, ki živijo v in bližini vinogradov ter z vinogradom povezanih okoljskih niš, imajo lahko ključno vlogo med spontano fermentacijo vina. Nenazadnje je zanimivo tudi ali te kvasovke, ki živijo v teh različnih nišah imajo podoben ali različen genetski in fenotipski potencial. Tako smo v dveh letih zapored vzorčili na različnih lokacijah (od Krasa, Vipavske doline do Brd) različne habitate, ki so povezani z vinogradom/ kletjo in take, ki so oddaljeni od

vinogradniških območij - gozdovi. V sodelovanju z IJS smo izvedli fenotipizacijo teh izolatov kvasovk (1.500), ter genotipizacijo kvasovk iz rodu *Saccharomyces* pa v sodelovanju z Univerzo Washington. V sodelovanju z Univerzo Washington smo v letu 2013 začeli uvajati tudi mikrobnno profiliranje z direktno ekstrakcijo mikrobnne DNA iz vzorca rastlinskega materiala/ tal, ter uporabi NGS in ITS črtne kode. V letu 2014 smo izvedli tudi prve bioinformatične analize na osnovi podatkov NGS. Namen tega podprojekta je tudi izolacija novih ne-konvencionalnih kvasovk, ki imajo biotehnoški potencial.

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

Zaradi hude bolezni je 18. maja 2014 preminil vodja projekta prof. Jure Piškur. ARRS je na predlog Univerze v Novi Gorici potrdil zamenjavo vodje z doc. dr. Loreno Butinar.

Ostale spremembe projektne skupine so bile vezane na raziskovalko Tino Jerman Klen, ki po prenehanju pogodbe o zaposlitvi na projektu ni bila več vključena na projektu.

Drugih bistvenih odstopanj in sprememb od predvidenega programa raziskovalnega projekta oz. povečanja ali zmanjšanja sestave projektne skupine ni bilo.

6. Najpomembnejši znanstveni rezultati projektne skupine⁵

		Znanstveni dosežek	
1.	COBISS ID	2418427	Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO	Genom vinske kvasovke <i>Dekkera bruxellensis</i> predstavlja orodje za preučevanje s hrano povezanih lastnosti
		ANG	The genome of wine yeast <i>Dekkera bruxellensis</i> provides a tool to explore its food-related properties
	Opis	SLO	Določena je bila sekvenca ene izmed zelo pomembnih vinskih kvasovk. V mnogih deželah je ta kvasovka odgovorna za kvar velikih količin vina in lahko povzroča ogromne ekonomske izgube v vinarski industriji. Naša sekvenca predstavlja pomembno orodje pri preprečevanju negativnih vplivov te kvasovke tekom vinske fermentacije. Npr. lahko razvijemo nove pristope, s katerimi preprečimo prevlado <i>D. bruxellensis</i> in tvorbo nezaželenih vonjav, ki jih ta kvasovka tvori tekom vinske fermentacije.
		ANG	The sequence of an important wine yeast was determined. In many countries all over the world this yeast is responsible for spoilage of large quantities of wine and thus causes large economy losses to the wine producers. Our sequence represents an important tool to combat the negative aspects of this yeast during wine fermentation. For example, it can help to develop new approaches how to avoid that wine fermentation is taken over by <i>D. bruxellensis</i> and that off-flavours are produced.
	Objavljeno v	Elsevier; International journal of food microbiology; 2012; Vol. 157, no. 2; str. 202-209; Impact Factor: 3.425; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 1.468; A': 1; WoS: JY, QU; Avtorji / Authors: Piškur Jure	
Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek		
2.	COBISS ID	3556603	Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO	Zakaj, kdaj in kako so kvasovke razvile alkoholno fermentacijo?
		ANG	Why, when, and how did yeast evolve alcoholic fermentation?
		Gre za pregled osrednjega ogljikovega metabolizma vrst iz <i>Saccharomycetaceae</i> in poskus rekonstrukcije starodavnega okolja, ki je verjetno pospeševal razvoj alkoholne fermentacije. Predvidevamo, da je	

	Opis	SLO	bil prvi korak v smeri tako imenovanega fermentacijskega življenjskega sloga raziskovanje anaerobnih niš, ki se je kazalo s povečano metabolno zmogljivostjo za razgradnjo sladkorjev v etanol. Povečan glikolitični tok je imel vzporedno tudi pozitiven učinek na izid mikrobne kompeticije, ki se je kasneje razvil v »novo« orodje za povečanje kompeticije kvasovk pri anaerobnih pogojih. Osnovna sposobnost aerobne alkoholne fermentacije se je naknadno nadgradila pri različnih linijah in sicer z razvojem dodatnih regulatornih korakov, kot je npr. glukozna represija pri kladu <i>S. cerevisiae</i> , za doseganje bolj natančne metabolne kontrole.
		ANG	We hereby review the recent data on the carbon metabolism in Saccharomycetaceae species and attempt to reconstruct the ancient environment, which could promote the evolution of alcoholic fermentation. We speculate that the first step toward the so-called fermentative lifestyle was the exploration of anaerobic niches resulting in an increased metabolic capacity to degrade sugar to ethanol. The strengthened glycolytic flow had in parallel a beneficial effect on the microbial competition outcome and later evolved as a "new" tool promoting the yeast competition ability under aerobic conditions. The basic aerobic alcoholic fermentation ability was subsequently "upgraded" in several lineages by evolving additional regulatory steps, such as glucose repression in the <i>S. cerevisiae</i> clade, to achieve a more precise metabolic control.
	Objavljeno v	Blackwell Publishing; FEMS yeast research; 2014; Vol. 14, no. 6; str. 826-832; Impact Factor: 2.436; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 2.395; WoS: DB, QU, RQ; Avtorji / Authors: Dashko Sofia, Zhou Nerve, Compagno Concetta, Piškur Jure	
	Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek	
3.	COBISS ID	3556347	Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO	Vinska in pivska kvasovka <i>Dekkera bruxellensis</i>
		ANG	The wine and beer yeast <i>Dekkera bruxellensis</i>
	Opis	SLO	V tem pregledu smo se osredotočili na nedavno razvita molekularna in genetska orodja, kot je celotno zaporedje genoma in transformacija, za študij in manipulacijo kvasovke <i>Dekkera bruxellensis</i> . Osredotočili smo se tudi na področja, ki so še posebej dobro raziskana pri tej kvasovki, kot je npr. sinteza nezaželenih spojin, metod za detekcijo kvasovk, osrednjega ogljikovega metabolizma in evolucijsko zgodovino.
		ANG	In this review we focus on the recently developed molecular and genetic tools, such as complete genome sequencing and transformation, to study and manipulate yeast <i>Dekkera bruxellensis</i> . We also focus on the areas that are particularly well explored in this yeast, such as the synthesis of off-flavours, yeast detection methods, carbon metabolism and evolutionary history.
	Objavljeno v	Wiley; Yeast; 2014; Vol. 31, no. 9; str. 323-332; Impact Factor: 1.742; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 2.395; WoS: CQ, DB, QU, RQ; Avtorji / Authors: Schifferdecker Anna Judith, Dashko Sofia, Ishchuk Olena P., Piškur Jure	
	Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek	
4.	COBISS ID	2454523	Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO	"To ni jabolko": kvasni mutualizem in jabolčni zavijač
		ANG	"This is not an apple": yeast mutualism in codling moth
	Opis	SLO	Nasadi in vinogradi predstavljajo zanimiv ekosistem z mnogimi pomembnimi partnerji. Osredotočili smo se na odnose med sadjem, žuželkami in mikrobi. Pokazali smo mutualizem. Npr. zelo pomemben škodljivec, jabolčni zavijač potrebuje kvasovke za preživetje v jabolku in za

		zaključek razvoja iz larvalnega stadija do odraslega osebka. Podrobno poznavanje teh odnosov lahko pomaga pri razvoju novih načinov zatiranja drevesnih škodljivcev.
	ANG	Orchards and vineyards are interesting eco-systems with many important partners. We focused on the relationship between fruits, insects and microbes. We showed that there are many mutualistic relationships. For example, an important apple pest codling moth, needs yeast to survive in the apple and complete its development from larvae to adult. A detailed understanding of these relationships will help to develop new ways to combat important fruit-tree pests.
Objavljeno v	Plenum Pub. Corp.; Journal of chemical ecology; 2012; Vol. 38, no. 8; str. 949-957; Impact Factor: 2.462; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 2.645; WoS: CQ, GU; Avtorji / Authors: Witzgall Peter, Piškur Jure	
Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek	

7. Najpomembnejši družbeno-ekonomski rezultati projektne skupine⁶

	Družbeno-ekonomski dosežek	
1.	COBISS ID	Vir: vpis v poročilo
	Naslov	SLO Priznanje Ambasador znanosti RS
		ANG The Ambassador of Science of the RS
	Opis	SLO Vodja projekta prof. Jure Piškur je bil nagrajen leta 2012, podelili so mu priznanje ambasador znanosti Republike Slovenije za raziskovalne dosežke in raziskovalno aktivnost v Sloveniji in tujini.
		ANG Principal investigator of the project Prof. J. Piškur was awarded in 2012 for Ambassador of Science of the Republic of Slovenia Certificate of Recognition for important achievements in research activities in Slovenia and abroad.
	Šifra	E.01 Domače nagrade
	Objavljeno v	http://www.mizks.gov.si/nc/si/medijsko_sredisce/novica/article//7795/
	Tipologija	2.07 Bibliografija
2.	COBISS ID	3596283 Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO Populacijska genomika divjih kvasovk in izvor vinskih sevov
		ANG Population genomics of wild yeast and the origin of wine strains
	Opis	SLO To je bilo zaključno plenarno predavanje na 31. mednarodnem specializiranem simpoziju o kvasovkah ISSY v Novi Gorici / Vipavi (Slovenija), ki ga imel J. Fay. Saccharomyces pogosto najdemo v povezavi z drevesi, zlasti vrste iz rodu Quercus. Poleg dreves, lahko kvasovko Saccharomyces cerevisiae najdemo tudi v vinogradniških tleh, grozdju, moštu. Medtem ko ima večina vinskih sevov S. cerevisiae evropsko poreklo, S. cerevisiae ne najdemo pogosto na drevesih v Evropi, pri čemer sta Portugalska in Španija izjemi. Tako ostaja izvor vinskih kvasovk še povsem neznan. V tej študiji smo proučevali prisotnost vrst rodu Saccharomyces v vinogradih in gozdovih v Sloveniji. Ugotovili smo, da sta obe vrsti S. cerevisiae in S. paradoxus znotraj in zunaj vinogradov. Vendar pa je bila S. cerevisiae v gozdnih vzorcih bolj redko prisotna. S populacijsko genomsko analizo bomo preverili ali se ti sevi kvasovk, ki so del vinogradniške ali gozdne populacije med seboj genetsko razlikujejo.

			<p>This was a closing plenary lecture at the 31st International Specialised Symposium on Yeast in Nova Gorica / Vipava (Slovenia), held by J. Fay. Saccharomyces are frequently found in association with trees, particularly Quercus species. In addition to trees, Saccharomyces cerevisiae is also found in vineyards soil, grape and wine must. While most wine strains of S. cerevisiae have a European origin, S. cerevisiae is not often found on trees in Europe, Portugal and Spain being exceptions. As such, the origin of wine yeasts is not known. In this study, we surveyed vineyards and forests in Slovenia for Saccharomyces species. We found both S. cerevisiae and S. paradoxus within and outside of vineyards. However, S. cerevisiae was more rare in forest samples. Population genomic analysis of these yeast strains will be used to test whether vineyard and forest populations are genetically differentiated from one another.</p>
	Šifra	B.04	Vabljen predavanje
	Objavljeno v	Jubi kinase; Book of abstracts; 2014; Str. 202; Avtorji / Authors: Liu Ping, Dashko Sofia, Volk Helena, Butinar Lorena, Piškur Jure	
	Tipologija	1.12 Objavljeni povzetek znanstvenega prispevka na konferenci	
3.	COBISS ID	275780352	Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO	Organizacija mednarodnega simpozija ISSY31 v Vipavi/ Novi Gorici
		ANG	The organization of the international symposium ISSY31 in Vipava / Nova Gorica
	Opis	SLO	Organizacija mednarodnega simpozija ISSY31 v Vipavi/ Novi Gorici Med 9. in 12. oktobrom 2014 je v hotelu Perla v Novi Gorici ter na Univerzi v Novi Gorici, na lokaciji Lanthieri v Vipavi, potekal 31. mednarodni specializirani simpozij o kvasovkah ISSY (ang. 31st International Specialized Symposium on Yeast, ISSY31) na temo fermentacij s kvasovkami. Na simpoziju je sodelovalo 250 udeležencev iz 33 različnih držav. Simpozij je bil med drugim posvečen delu nedavno preminulega prof. Jureta Piškurja, ki je bil pobudnik in glavni organizator konference ISSY31. Poleg Univerze v Novi Gorici so Simpozij organizirali Univerza v Lundu (Švedska), Institut »Jozef Stefan« ter podjetje Jubi kinase ApS.
		ANG	31st International Specialized Symposium on Yeast (ISSY31) with focus on yeast fermentations was held between 9th and 12th October 2014 in Hotel Perla in Nova Gorica and at the University of Nova Gorica in Lanthieri Mansion in Vipava. The symposium attended 250 participants from 33 different countries. The symposium was also devoted to the work of recently deceased prof. Jure Piškur, who was the initiator and main organizer of the conference ISSY31. In addition to the University of Nova Gorica symposium was organized also by University of Lund (Sweden), Institute "Jozef Stefan" and the company Jubi kinase ApS.
	Šifra	B.01	Organizator znanstvenega srečanja
	Objavljeno v	Jubi kinase; 2014; 227 str.; Avtorji / Authors: Piškur Jure, Petrovič Uroš, Dolinar Marko, Dashko Sofia	
	Tipologija	2.25 Druge monografije in druga zaključna dela	
4.	COBISS ID	3243003	Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO	Proučevanje potenciala biodiverzitete kvasovk za alkoholno fermentacijo pri pridelavi vina
		ANG	Exploration of yeast biodiversity potential for wine fermentations
		V zadnjih letih je bilo le nekaj vrst kvasovk uporabljenih za komercialne fermentacije mošta pri pridelavi vina. Projekt EU ITN Cornucopia poskuša obrniti ta trend. V okviru projekta se je izvedel "screening" približno nekaj sto izolatov kvasovk zbirke CBS z namenom opredeliti, katere nove vrste imajo obetaven aromatski potencial, ki bi ga lahko uvedli za proizvodnjo	

Opis	SLO	vina. Uporabili smo nekatere od teh kvasovk za fermentacijo mošta sorte 'Rebula' z namenom povečanja aromatskega profila vina. V našem poskusu smo izvedli zaporedne fermentacije, začevši z novimi vrstami kvasovk in po nekaj dneh dodali komercialni sev <i>Saccharomyces cerevisiae</i> . Spremljali smo dinamiko populacije različnih kvasovk, aromatski profil, porabo sladkorja in kopičenje etanola. Senzorična analiza mladega vina je pokazala, da sta predvsem dve kvasovki obogatili aromatski profil mladega vina.
	ANG	During the last decades only a limited number of yeast species have been used in commercial wine fermentations. The EU ITN project Cornucopia has recently attempted to reverse this trend and screened a few hundred yeast isolates to identify novel species with a promising aroma potential, which could be employed in wine fermentations. We applied some of these yeasts in Ribolla Gialla must fermentations, with the future aim to intensify the aroma profile of this wine. In our experiments, we performed sequential micro-fermentations starting with a novel yeast species, and after few days a commercial <i>Saccharomyces cerevisiae</i> wine strain was added. Growth rate, competition between the inoculated yeasts, sugar consumption, ethanol accumulation and aroma profile were monitored during these experimental fermentations. Sensory analyses of young wine showed that particularly two of the novel yeasts enriched the aroma profile of the fermented Ribolla must.
Šifra	B.06	Drugo
Objavljeno v	Wiley; Yeast; 2013; Vol. 30, suppl. 1; str. S207; Impact Factor: 1.742; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 2.395; WoS: CQ, DB, QU, RQ; Avtorji / Authors: Dashko Sofia, Tinta Tinkara, Sivilotti Paolo, Sternad Lemut Melita, Trošt Kajetan, Gamero Amparo, Turk Valentina, Vrhovšek Urška, Butinar Lorena, Piškur Jure	
Tipologija	1.12	Objavljeni povzetek znanstvenega prispevka na konferenci

8. Drugi pomembni rezultati projektne skupine^Z

--

9. Pomen raziskovalnih rezultatov projektne skupine^B

9.1. Pomen za razvoj znanosti^B

SLO

Pivska kvasovka *S. cerevisiae* je najbolj raziskan evkariontski organizem, ki je služil tudi kot osrednji organizem za razvoj orodij genskega inženiringa in pristopov v genomiki in post-genomiki. Ta orodja danes uporabljamo kot platformo za razvoj podobnih orodij za študij drugih evkariontskih mikroorganizmov ter celo sesalcev in ljudi. Večina ljudi kvasovke enači s *S. cerevisiae*, vendar obstaja še zelo veliko drugih vrst kvasovk, od katerih jih samo do danes poznamo več kot 1500, ki predstavljajo pomembno skupino organizmov v naravi. Nekatere izmed njih so imele pomembno vlogo že v tradicionalni predelavi hrane, vendar pogosto kot mešane kulture v spontanah fermentacijah, o katerih še vedno zelo malo vemo in jih je zato zelo težko kontrolirati. Naš projekt je obogatil obstoječe znanje o kvasovkah, prav tako pa je pomemben pri razvoju platforme za nadaljnja preučevanja kvasovk in za razvoj splošnih principov in orodij, namenjenih preučevanju katerega koli drugega živega organizma, še posebej na področju tvorbe aromatskih spojin.

Ta projekt se je osredotočal na manj raziskane kvasovke, kar prispeva dragocene podatke za boljše razumevanje akademske ravni biotske raznovrstnosti, genomike, genetike in fiziologije kvasovk kot tudi njihove evolucije. Razvili smo nova raziskovalna orodja, kot npr. RNAi za preučevanje razmerja med genom in njegovim fenotipom, kar bo na voljo tudi širši svetovni skupnosti. Prispevali smo tudi k razumevanju molekularnega ozadja za tvorbo aromatskih

spojin. Novo znanje bo odprlo nove potenciale za razvoj živilskih izdelkov in za izboljšanje sodobnih biotehnoloških procesov. Pridobili smo znanje o uporabi nekonvencionalnih vrst kvasovk in hkrati vpeljali novosti z možnostmi industrijske komercializacije, oboje pa bo predstavljalo zelo pomemben korak pri krepitevi položaja tovrstnega raziskavnega dela in njegove aplikativnosti. Projekt bo nenazadnje povzročil tudi povečanje zagona evropskega prostora za raziskave vina in inovacije s tega področja in sicer preko sinergije med javnimi temeljnimi in aplikativnimi raziskovalnimi laboratoriji ter zasebnimi industrijskimi partnerji, kar bo vodilo v razvoj bolj konkurenčnega in dinamičnega, z znanjem podkrepljenega strokovnega področja.

ANG

Baker's yeast *S. cerevisiae* is the most studied eukaryote organism and has been the prime organism to develop genetic engineering tools and many genomic and post-genomic methods and approaches. These tools are now used as a platform for development of similar tools for other eukaryotic microorganisms and even mammals and humans. Most people equate yeast with *S. cerevisiae*, but there is an enormous diversity of other yeast species, so far more than 1500 have been identified and they represent an important group of organisms in nature. Several of these have also played important roles in traditional food processes but often in mixed cultures in spontaneous fermentations, which remain poorly understood and difficult to control. Our project increased our knowledge on yeast, and is also important to develop a platform for further studies on yeast and for development of general tools and principles to study any other living organism, especially in the field of aromatic compounds. This project was focused on less studied yeasts, providing valuable data to better understand academic aspects of biodiversity, yeast genomics, yeast genetics, yeast physiology as well as yeast evolution. Research tools were developed, like RNAi to study the relationship between a gene and its phenotype, and these will also be available for the larger world community. A significant contribution to understand the molecular background for aromas was done. New knowledge will open a large potential for generation of novel food products and for improvement of modern biotechnological processes. We gained knowledge about usage of non-conventional yeasts and possible industrial commercialization, both being very important new steps to considerably strengthen the status of the research and its applicability in this direction. The project will increase the momentum of the European Area of Wine Research and Innovation via the synergy between the public basic and applied research laboratories and private industrial partners, becoming more competitive and dynamic knowledge-based brand.

9.2. Pomen za razvoj Slovenije¹⁰

SLO

Vzpostavili smo mednarodno sodelovanje štirih raziskovalnih organizacij z združitvijo multidisciplinarnega znanja sodelujočih znanstvenikov kot tudi strokovnjakov s praktičnim znanjem in izkušnjami. Partnerji smo vzpostavili dolgoročno sodelovanje za izmenjavo strokovnega znanja, materiala / opreme in različnega "know-how-a" na področju raziskav izbranih nekonvencionalnih kvasovk, njihovih posebnih karakteristikah in osnovah vpletenih molekularnih mehanizmov, o pogojih za kultiviranje in analitiko, orodjih za rekombinantne genske spremembe, genomskih in proteomskih analizah ter pri razvoju fermentacijskih poskusov v laboratorijskem, pilotskem in industrijskem merilu.

Prof. Jure Piškur je svoje bogato znanje in izkušnje prinesel nazaj v Slovenijo in ga delil s slovenskimi znanstveniki. Bil je zelo priznan raziskovalec na področju genetike kvasovk in področju strukture in funkcije encimov (z več kot 100 znanstvenih člankov, dvema knjigama in štirimi patenti). Imel je tudi izkušnje z uvedbo in upravljanjem spin-off podjetja in je bil član večih upravnih odborov biotehnoloških podjetij ter akademskih inštitucij. Dr. Urška Vrhovšek je še ena izmed zelo uspešnih slovenskih raziskovalk (več kot 50 znanstvenih člankov), ki živi in dela v Italiji. Njeno prednostno raziskovalno področje je kakovost živil, zlasti grozdja, sadja in vina. Trenutno vodi metabolomično platformo na FEM, ki je ključna tehnologija, potrebna za izvajanje konkurenčnih raziskav na področju funkcionalne genomike in nutrigenomik.

Vzpostavitev sodelovanja, preko katerega je svoje izkušnje delila in izmenjevala s slovenskimi strokovnjaki na področju enologije, je bilo prav tako zelo dobrodošlo in koristno.

Rezultati projekta ponujajo novitete v Vipavsko dolino in druge slovenske vinorodne pokrajine, kar lahko v prihodnosti daje slovenskim vinarjem veliko prednost, boljšo prepoznavnost in večjo konkurenčnost na svetovnem vinskem trgu. Zelo pomemben posredni učinek projekta za

družbo, je tudi razvoj vrhunskih strokovnjakov področja, ki bodo sposobni prenašati svoje znanje v znanstvene in strokovne kroge z objavami in ki bodo uvajali nova znanja tudi v druge industrijske panoge, jih vključevali neposredno v pedagoški proces.

ANG

The international cooperation of four research organizations was established with combining multidisciplinary knowledge of many different scientists as well as experts with practical knowledge and industry-related experiences. The partners established long-term collaborations for the exchange of specific expertise, material/equipment and know-how on the study of selected nonconventional yeast species, in particular on specific unique properties and the underlying mechanisms involved, on cultivation and analysis conditions, on tools for genetic modification and genomic and proteomic analysis, and on evaluation in fermentation trials at lab-, pilot- and industrial scale. Prof Jure Piškur's experience and knowledge were brought back to Slovenia and shared with Slovenian scientists. He was a highly acknowledged researcher within yeast genetics and enzyme structure-function fields (with over 100 publications refereed papers, two published books, and several patents) and was experienced with establishment and management of spin-off companies and was a member of several boards of directors of biotech companies and academic institutions. Dr. Urška Vrhovšek is another very successful Slovenian researcher (with over 50 refereed papers), living and operating in Italy. U. Vrhovšek is specialized in grape, fruit and wine quality research. She currently leads the metabolomic platform at FEM which is a core technology necessary to perform competitive studies in the fields of functional genomics and nutrigenomics. It is also very appraisable that her experiences was shared and exchanged with Slovenian wine field specialists. This project offer by implementing of commonly achieved novelties to Vipava Valley and other Slovenian wine regions will offer Slovenian wine producers huge advantages, better recognition and higher competitiveness on the world wine market. Very important indirect impact of the project for the society is the development of top-level experts for this field, who will be able to transfer their knowledge to scientific and professional community through publications, who will apply new knowledge also in other industrial food branches and who will be able to include the achievements directly into the pedagogical processes.

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" value=""/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text" value=""/>
F.24	Izboljšanje obstoječih sistemskih, normativnih, programskih in metodoloških rešitev	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text" value=""/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text" value=""/>
F.25	Razvoj novih organizacijskih in upravljavskih rešitev	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text" value=""/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text" value=""/>
F.26	Izboljšanje obstoječih organizacijskih in upravljavskih rešitev	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text" value=""/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text" value=""/>
F.27	Prispevek k ohranjanju/varovanju naravne in kulturne dediščine	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text" value=""/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text" value=""/>
F.28	Priprava/organizacija razstave	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text" value=""/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text" value=""/>
F.29	Prispevek k razvoju nacionalne kulturne identitete	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text" value=""/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text" value=""/>
F.30	Strokovna ocena stanja	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text" value=""/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text" value=""/>
F.31	Razvoj standardov	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text" value=""/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text" value=""/>
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 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="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					
G.06.	Varovanje okolja in trajnostni razvoj					
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					
G.09.	Drugo:					

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 2014¹²

13.1. Izjemni znanstveni dosežek

Opis znanstvenega dosežka v slovenščini in angleščini je v priponki Prosojnica_1.pdf.

13.2. Izjemni družbeno-ekonomski dosežek

Opis družbeno-ekonomskega dosežka v slovenščini in angleščini je v priponki Prosojnica_2.pdf.

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 Novi Gorici

Lorena Butinar

ŽIG

Kraj in datum:

Nova Gorica

16.3.2015

Oznaka poročila: ARRS-RPROJ-ZP-2015/74

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](#)

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 2014 (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 priložitev/-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/2015 v1.00a

0C-F5-31-F2-02-E1-CD-16-E1-31-91-38-E4-7F-AF-04-A9-A6-7C-A9

Priloga 1

Populacijska genomika divjih kvasovk in izvor vinskih sevov / Population genomics of wild yeast and the origin of wine strains

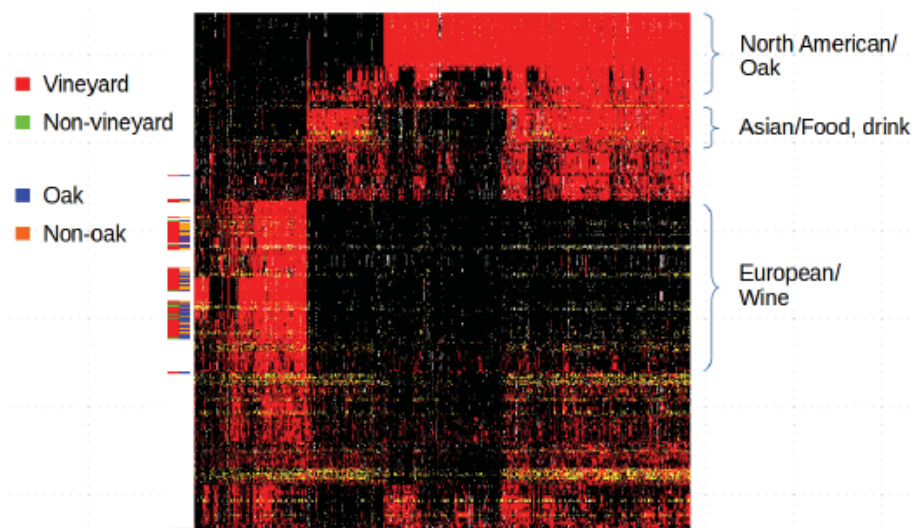
Saccharomyces pogosto najdemo v povezavi z drevesi, zlasti vrste iz rodu *Quercus*. Poleg dreves, lahko kvasovko *Saccharomyces cerevisiae* najdemo tudi v vinogradniških tleh, grozdju, moštu. Medtem ko ima večina vinskih sevov *S. cerevisiae* evropsko poreklo, *S. cerevisiae* ne najdemo pogosto na drevesih v Evropi, pri čemer sta Portugalska in Španija izjemi. Tako ostaja izvor vinskih kvasovk še povsem neznan. V tej študiji smo proučevali prisotnost vrst rodu *Saccharomyces* v vinogradih in gozdovih v Sloveniji (Fig. 1). Ugotovili smo, da sta obe vrsti *S. cerevisiae* in *S. paradoxus* znotraj in zunaj vinogradov. Vendar pa je bila *S. cerevisiae* v gozdnih vzorcih bolj redko prisotna. S populacijsko genomsko analizo bomo preverili ali se ti sevi kvasovk, ki so del vinogradniške ali gozdne populacije med seboj genetsko razlikujejo (Fig. 2).

Saccharomyces are frequently found in association with trees, particularly *Quercus* species. In addition to trees, *Saccharomyces cerevisiae* is also found in vineyards soil, grape and wine must. While most wine strains of *S. cerevisiae* have a European origin, *S. cerevisiae* is not often found on trees in Europe, Portugal and Spain being exceptions. As such, the origin of wine yeasts is not known. In this study, we surveyed vineyards and forests in Slovenia for *Saccharomyces* species (Fig. 1). We found both *S. cerevisiae* and *S. paradoxus* within and outside of vineyards. However, *S. cerevisiae* was more rare in forest samples. Population genomic analysis of these yeast strains will be used to test whether vineyard and forest populations are genetically differentiated from one another (Fig. 2).

Fig. 1: Vzorčenje listov vinske trte



Fig. 2: Genotipizacija slovenskih sevov vrste *S. cerevisiae* in primerjava z ostalimi sevi



Each row is a strain, each column is a site in the genome. Slovenian samples are indicated by the panel and legend on the left and known groupings of strains are indicated on the right.

Priloga 2

Organizacija mednarodnega simpozija ISSY31 v Vipavi/ Novi Gorici/ The organization of the international symposium ISSY31 in Vipava / Nova Gorica

Med 9. in 12. oktobrom 2014 je v hotelu Perla v Novi Gorici ter na Univerzi v Novi Gorici, na lokaciji Lanthieri v Vipavi, potekal 31. mednarodni specializirani simpozij o kvasovkah ISSY (ang. 31st International Specialized Symposium on Yeast, ISSY31) na temo fermentacij s kvasovkami. Na simpoziju je sodelovalo 250 udeležencev iz 33 različnih držav. Simpozij je bil med drugim posvečen delu nedavno preminulega prof. Jureta Piškurja, ki je bil pobudnik in glavni organizator konference ISSY31. Poleg Univerze v Novi Gorici so Simpozij organizirali Univerza v Lundu (Švedska), Institut »Jožef Stefan« ter podjetje Jubi kinase ApS.

31st International Specialized Symposium on Yeast (ISSY31) with focus on yeast fermentations was held between 9th and 12th October 2014 in Hotel Perla in Nova Gorica and at the University of Nova Gorica in Lanthieri Mansion in Vipava. The symposium attended 250 participants from 33 different countries. The symposium was also devoted to the work of recently deceased prof. Jure Piškur, who was the initiator and main organizer of the conference ISSY31. In addition to the University of Nova Gorica symposium was organized also by University of Lund (Sweden), Institute "Jozef Stefan" and the company Jubi kinase ApS.

