

Oznaka poročila: ARRS-RPROG-ZP-2015/174



ZAKLJUČNO POROČILO O REZULTATIH RAZISKOVALNEGA PROGRAMA

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

A. PODATKI O RAZISKOVALNEM PROGRAMU

1. Osnovni podatki o raziskovalnem programu

Šifra programa	P4-0077
Naslov programa	Kmetijske rastline - genetika in sodobne tehnologije Genetics and Modern Technologies of Crops
Vodja programa	5994 Branka Javornik
Obseg raziskovalnih ur (vključno s povečanjem financiranja v letu 2014)	44800
Cenovni razred	D
Trajanje programa	01.2009 - 12.2014
Izvajalci raziskovalnega programa (javne raziskovalne organizacije - JRO in/ali RO s koncesijo)	481 Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta 416 Inštitut za hmeljarstvo in pivovarstvo Slovenije
Raziskovalno področje po šifrantu ARRS	4 BIOTEHNIKA 4.03 Rastlinska produkcija in predelava
Družbeno-ekonomski cilj	08. Kmetijstvo
Raziskovalno področje po šifrantu FOS	4 Kmetijske vede 4.04 Kmetijska biotehnologija

B. REZULTATI IN DOSEŽKI RAZISKOVALNEGA PROGRAMA

2. Povzetek raziskovalnega programa¹

SLO

Raziskovalni program je bil sestavljen iz več medsebojno povezanih sklopov, namenjenih izboljšavam postopkov žlahtnjenja kmetijskih rastlin in žlahtnjenju izbranih vrst, proučevanju genetske variabilnosti kmetijskih rastlin, divjih rastlinskih

populacij in gliv, temeljnim proučevanjem s področja biotskega stresa nastalega z interakcijo rastlina/patogen, in razvoju molekularnih markerjev. Uspešno so bili izdelani protokoli indukcije haploidov pri čebuli, *Mimulus*, oljnih bučah, zelju in rukoli, ki so objavljeni ali se uporabljajo kot orodja v žlahtnjenju rastlin. Izvedene so bile raziskave medvrstnih križancev (*Allium* vrste, *Ocymum*, *Genista*) ter študije sekundarnih metabolitov pri *Madradora* sp. in šentjanževki. Študij genetske variabilnosti je zajemal študije izvora vrst in molekularne filogenije (sekcija *Allium*), genetske strukture in izvora dednine (hmelj, oljka, vinska trta, žajbelj), študij specializacije znotraj vrste (*Verticillium*) in ocenjevanje odnosov med sortami in tip (vinska trta, oljka). Molekulska orodja so bila uporabljena pri identifikaciji novih rastlinskih patogenov in razviti so bili številni novi molekularni markerji pri hmelju za nadaljne raziskave in njihovo uporabo v žlahtnjenju. Izdelali smo tri genske karte hmelja in prvi določili kvantitativni lokus za odpornost na verticilijsko uvelost in lokuse povezane z višino pridelka in parametri kakovosti. Interakcije med hmeljem in patogeno glivo *V. albo-atrum* smo spremljali na proteomskem in transkriptomskem nivoju in odkrili nekatere zanimive gene, ki sodelujejo pri odpornostnem odgovoru rastline na okužbo. Sekvencirali smo šest genomov izolatov fitopatogene glive z različno virulenco in pričakujemo, da bomo s primerjalno genomiko odkrili virulentne dejavnike glive. Za izvedbo zadnje študije smo uspešno uvedli nova bioinformacijska orodja v laboratorij. Za testiranje kandidatnih virulentnih dejavnikov glive smo uspešno vpeljali mutacijsko metodo. Študirali smo razvoj spola pri hmelju in ugotovili, da se triploidne rastline lahko pri križanjih pojavijo spontano in da je to povezano s nastankom nereduciranih gamet. Razvili smo tudi štiri molekulske markerje za določitev moškega spola. V obdobju izvajanja programa so zaključili doktorat trije podiplomski študentje in 15 mladih raziskovalcev, končani so bili trije znanstveni magisteriji in opravljenih je bilo okoli sto diplom. Skupno smo objavili 167 znanstvenih člankov od tega 114 v revijah s faktorjem vpliva, prispevali dvanajst poglavij v znanstvenih monografijah ter sodelovali na številnih domačih in mednarodnih znanstvenih srečanjih tudi z vabljenimi predavanji. V zadnjih petih letih smo registrirali pet novih sort kmetijskih rastlin, dve sorti hmelja in tri sorte pšenice.

ANG

The research program consisted of several interrelated modules focused on improvements in plant breeding techniques of selected species of agricultural plants, the development of molecular markers for their application in breeding, genetic diversity studies of crops, populations and fungi, and in research in the field of biotic stress. Haploid induction protocols (onion, *Mimulus*, seedoil pumpkins, rocket) were published and are used either as a tool for simplified genetic research (two publications in onions) or for breeding purposes (onion, oil seed pumpkins, cabbage). We performed several studies related to the analysis of interspecific hybrids, which are either published (*Allium* species, *Ocymum*, *Genista*) or are in preparation (*Phalaenopsis* orchids, *Primula* sp.). Studies of *in vitro* production of secondary metabolites were performed in *Madradora* sp. and *Hypericum perforatum* (article and cultivar release in preparation). Research of genetic variability includes studies of origin and molecular phylogeny (*Allium* section), genetic structure and origin of germplasm (hop, olives, grapevine, sage), specialization of types within species (*Verticillium*, *Monillia*), evaluation of accessions in gene banks (hop, grapevine), assessment of relationship among varieties or types (olives, grapevine). Molecular tools were used for the identification of new plant pathogens and a large number of new molecular markers were developed in hop and sage for their use in research and breeding. We constructed three genetic maps for hop and were the first to discover QTL for *Verticillium* wilt resistance, as well as quantitative loci for yield and quality parameters. Interactions between hop and the phytopathogenic fungus *V. albo-atrum* were monitored on proteome and transcriptom levels and some candidate genes were discovered that might be implicated in the hop resistance response to infection. On the fungus side, we sequenced six whole genomes of isolates with different virulence and we expect that comparative genomics will uncover fungus virulent factors. Whole genome sequencing demanded the set up of new bioinformatic tools, and candidate virulence gene testing a deletion mutation method. We also studied sex

determination in hops and showed that triploids can occur spontaneously in crosses and that they originate from unreduced gametes. In addition, four molecular markers for the male sex locus were developed. During the period of the program, eighteen PhD students, three master students and almost one hundred undergraduate students finished their thesis. In total, we published 167 scientific articles, 114 in journals with IF, contributed twelve chapters in scientific books and participated at numerous scientific meetings, including invited lectures. In the last five years, five new varieties were registered, two hop and three wheat varieties.

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

SLO

Raziskovalni program smo izvajali po predlaganem planu vključno z nekoliko povečanim obsegom financiranja in v sklopu aktivnosti pridobili rezultate, ki so skladni z glavnimi cilji in pričakovanji. Raziskovalni program je sestavljalo več modulov:

Razvoj biotehnoloških metod za podporo žlahtnjenju rastlin

Skladno z delovnim programom za obdobje 2009-2014 smo člani programske skupine razvili moderne biotehnološke procese za aplikacije v žlahtnjenju rastlin. Razvili smo uspešne postopke za indukcijo haploidnih rastlin, ki smo jih uporabljali v daljše m časovnem obdobju za doseg dveh ciljev: 1) za pospešitev postopkov žlahtnjenja in 2)

za uporabo v genetskih študijah. Oba cilja smo uspešno dosegli pri čebuli. Prav tako smo razvito metodo indukcije haploidov predali v uporabo slovenski semenarski hiši, kjer

jo uporabljajo pri svojih postopkih žlahtnjenja. Nadalje smo uspešno razvili in publicirali

postopek indukcije haploidov pri rastlini *Mimulus aurantiacus*. To je prvi tak protokol za

omenjeno rastlinsko vrsto, ki se pogosto uporablja tudi kot modelna rastlina pri evolucijskih študijah. Pri tej vrsti smo tudi razvili dva uspešna protokola za adventivno organogenezo in za genetsko transformacijo. Študije pri oljnih bučah so bile delno izvedene tudi v sklopu aplikativnega CRP projekta s ciljem požlahtniti slovenske kultivarje te vrste.

V planu programa smo načrtovali izvajanje postopkov ginogeneze pri oljki, vendar smo

zaradi neuspešnosti ta del raziskav preusmerili v druge biotehnološke postopke pri tej rastlini. Izmed teh izpostavljamo dve zelo uspešni študiji: uporabo induciranih mutacij pri *in vitro* kulturi in identifikacijo endogene patogene glive. Študije obsevanja so bile usmerjene na vzpostavitev optimalnega postopka za indukcijo manjših sprememb lastnosti pri oljkah. Vzpostavili smo *in vitro* kulturo poganjkov pomembnega lokalnega kultivarja 'Istrska belica', ki pa zaradi endogene prisotne kontaminacije v začetku ni bila možna. S postopki optimizacije smo uspešno vzpostavili kulturo, ki je sedaj na voljo za aplikacije v žlahtnjenju kultivarjev oljke.

Izvedli smo tudi študijo *in vitro* proizvodnje kompleksnih sekundarnih metabolitov rastlin mandragore in šentjanževke. Pri slednji smo vzpostavili *in vitro* protokol suspenzijske celične kulture. Odkrili smo tudi veliko genetsko variabilnost, ki se odraža tako na nivoju ploidnosti kot na nivoju produkcije aktivnih komponent. Študija se nadaljuje in njen cilj je požlahtniti nov slovenski kultivar šentjanževke, ki bo okarakteriziran z značilno povišano produkcijo hiperforina.

Študije genetske variabilnosti

Poznavanje diverzitete, ki jo lahko uspešno določimo z uporabo molekularnih markerjev in s primernimi statističnimi orodji, nam je omogočilo pridobiti številne rezultate: študije izvora vrst ali skupin (*Allium ampeloprasum* skupina vrtnin), študije molekularne filogenije (sekcija *Allium*), študije genetske strukture in izvora dednine (žajbelj), študije specializacije tipov znotraj vrste (*Verticillium*), identifikacijo rastlinskih patogenov (*Monilinia*, ostale glive in fitoplazma), ocenjevanje akcesij v genskih bankah (hmelj, vinska trta), ocenjevanje odnosov med sortami ali tipi (oljka, vinska trta), prav tako pa tudi iskanje novih genov (odpornostni geni proti boleznim). Prav tako smo razvili večje število mikrosatelitnih markerjev pri žajblju, genomske in genske mikrosatelitne markerje pri hmelju in skupini markerjev analogov odpornostnih genov (RGA) in EST-RGA pri hmelju.

Študije biotskega stresa

Pri hmelju proučujemo hmeljevo uvelost, bolezen, ki jo povzroča visoko virulentni sev *Verticillium albo-atrum*. Naše raziskave imajo žlahtniteljske cilje in temeljijo na poznavanju mehanizmov odpornosti hmelja na verticilijsko uvelost in patogenosti glive *V. albo-atrum*.

Na osnovi različnih markerjev smo izdelali genetsko karto povezanosti družine križancev z značilno segregacijo za verticilijsko uvelost. Na osnovi QTL analize smo določili signifikanten QTL za to lastnost na obeh starševskih skupinah povezanosti, ki pojasnjuje 24.2 do 26.0% fenotipske variance. To je prvi primer identificiranega QTLa za to lastnost pri hmelju. QTL obdajajo bližnji markerji, ki jih bomo testirali v postopkih žlahtnjenja s pomočjo markerjev.

Interakcije hmelj - *Verticillium* smo preiskovali na nivoju proteoma in transkriptoma tako, da smo spremljali spremembe pri občutljivi in odporni sorti hmelja po infekciji z glivo. Na nivoju proteoma smo zasledili specifične spremembe samo pri občutljivem kultivarju. Pri analizi transkriptoma smo odkrili močno izražanje genov, ki so v povezavi s procesom patogeneze pri obeh interakcijah in smo njihovo izražanje potrdili še qPCR.

Pri raziskavah glive smo izvedli določevanje nukleotidnega zaporedja genomov z namenom, da bi odkrili virulentne faktorje v letalnem sevu, katerih odkritje bi lahko razložilo patogenost glive *V. albo-atrum*. Vzporedno smo vpeljali metodo izdelave delecijjskih mutantov in testiranje njihove virulentnosti s katerima bomo lahko funkcijsko testirali odkrite kandidatne virulencne gene.

Študije razvoja spola pri rastlinah

Pri študijah povezanih z razvojem spola pri hmelju smo na polju fenotipsko ocenili večje število hermafroditnih rastlin iz kontroliranih križanj in jih analizirali z mikrosatelitnimi markerji ter s pomočjo pretočne citometrije. Dokazali smo, da se triploidne rastline lahko v križanjih pojavijo spontano in da je ta pojav v povezavi z nastankom nereduciranih gamet. Poleg tega smo odkrili tudi 4 nove DArT markerje z znanim nukleotidnim zaporedjem, ki so tesno vezani na moški spolni lokus. Lete smo nato uspešno pretvorili v SCAR markerje.

Vpliv klimatskih sprememb na pridelek

V okviru mednarodnega konzorcija IOSDV, ki deluje v sklopu ISSS se izvaja 16 stalnih poljskih eksperimentov, od katerih sta dve polji tudi v Sloveniji. Poizkusi, ki so vključevali merjenje vpliva klimatskih sprememb na pridelek in na ponor CO₂ v zemljo, so zaključeni. Rezultati so pokazali, da ima obdelovalna zemlja omejeno vlogo pri odvajanju ogljika, medtem ko osiromašena zemlja lahko začasno akumulira ogljik do svoje optimalne vsebnosti.

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

SLO

Glede na načrtovan obseg raziskav v programu smo uspešno opravili naslednje aktivnosti:

Biotehnološke metode: Raziskave, ki so bile predhodno načrtovane v raziskovalnem

programu za obdobje 2009- 2014 so bile večinoma uspešno opravljene. Protokoli indukcije haploidov (čebula, Mimulus, oljne buče) so že objavljeni kot protokoli genetskih raziskav (dve objavi na čebulah) ali kot žlahtniteljska orodja (čebula, oljne buče, zelje). Del tovrstnih študij za katere je bilo predvideno, da se bodo nanašale na vzgojo haploidov pri rukoli (*Eruca sativa*) je bil kasneje, zaradi potreb slovenske semenarske industrije, prenesen na raziskave oljnih buč (tri objave – semenska ovojnica, haploidnost in somaklonska variabilnost). Izvedli smo tudi nekaj raziskav na temo medvrstnih križancev, katerih rezultate smo že objavili (*Allium* vrste, *Ocimum*, *Genista*) oz. so v pripravi za objavo (orhideje, *Primula* sp.). Raziskave sekundarnih metabolitov so bile izvajane pri vrstah *Mandragora* sp. in *Hypericum perforatum* (v pripravi članek in registracija kultivarja).

Genetska variabilnost: Večina raziskav genetske variabilnosti narejenih na osnovi molekularnih markerjev je bila uspešno zaključena; razvili smo tudi nove molekularne markerje uporabne za genetske študije pri hmelju in žajblju; s tega področja je bilo objavljenih največ publikacij.

Raziskave biotskega stresa: tovrstne študije smo začeli izvajati že v z ačetnem obdobju našega raziskovalnega programa in na koncu smo dosegli zelo dobre rezultate.

Identificirali smo QTL, vezan na odpornost hmelja na verticilijsko uvelost in proučili izražanja genov pri hmelju v povezavi z omenjenim biotskim stresom. Sekvencirali smo

šest različno virulentnih izolatov *V.alboatrum* in naredili primerjalno genomsko analizo za odkrivanje virulentnih dejavnikov. Nekateri rezultati teh analiz so že bili objavljeni, medtem ko so preostali še v pripravi.

Raziskave določanja spola pri rastlinah: objavili smo študijo biologije spola pri hmelju in

spontanega pojavljanja triploidnih rastlin ter dodatno določili nove molekularne markerje

vezane na spol rastline, ki so uporabni v multipleks analizi.

Vpliv okoljskih sprememb na pridelek: Zanimivi rezultati evropskih poskusov, ki so bili izvajani skozi daljše časovno obdobje gnojilnih poljskih poskusov so publicirani v treh objavah.

5.Utemeljitev morebitnih sprememb programa raziskovalnega programa oziroma sprememb, povečanja ali zmanjšanja sestave programske skupine v letu 2014⁴

SLO

Ni bilo sprememb.

6.Najpomembnejši znanstveni rezultati programske skupine⁵

Znanstveni dosežek			
1.	COBISS ID	7466361	Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO	Kartiranje genoma hmelja
		ANG	Identification of quantitative trait loci for resistance to Verticillium wilt and yield parameters in hop (<i>Humulus lupulus</i> L.)
		Pomembna aktivnost raziskovalne skupine so študije, ki so usmerjene v kartiranje ekonomsko in agronomsko pomembnih lastnosti hmelja. kartiranje ekonomsko in agronomsko pomembnih lastnosti hmelja. Skupina je do sedaj objavila štiri genetske karte, tri od tega v zadnjih petih letih. Nedavno smo odkrili QTL za toleranco na Verticilijsko uvelost pri hmelju na družini križancev kultivarja 'Wye Target' in moške linje BL2/1. QTL smo določili pri obeh starševskih kartah in s tem QTL-om lahko obrazložimo 24,2 - 26,0% fenotipske variabilnosti. Pri isti družini smo opravili tudi QTL analizo za vsebnost alfa kislin in pridelek ter s primerjavo lokacije QTL regij in asociacije z mikrosatelitnimi markerji potrdili predhodno določene regije hmeljnega genoma v drugi družini križancev	

Opis	SLO	<p>('Magnum' x BL2/1), ki so povezane s tema dvema parametroma. Aktivnosti kartiranja smo tudi izvedli v mednarodnem konzorciju, ki je obsegal raziskovalce iz štirih raziskovalnih skupin, katerim je skupno delovanje na področju raziskav hmelja (Avstralija, Nova Zelandija, Anglija in Slovenija). V tej študiji smo kartirali lastnosti kot so spol hmelja, komponente pridelka in kemijske lastnosti hmeljnih storžkov. Navajamo tri znanstvene publikacije zadnjih petih let.</p> <p>1) JAKŠE J. et al. 2013. Identification of quantitative trait loci for resistance to Verticillium wilt and yield parameters in hop (<i>Humulus lupulus</i> L.). <i>Theoretical and Applied Genetics</i>, 126, 6:1431-1443. http://dx.doi.org/10.1007/s00122-013-2062-4. IF= 3.658, horticulture ; 1/32</p> <p>2) MCADAM E. L. et al. 2013. Quantitative trait loci in hop (<i>Humulus lupulus</i> L.) reveal complex genetic architecture underlying variation in sex, yield and cone chemistry. <i>BMC genomics</i>, 14, 360: 1-27. http://dx.doi.org/10.1186/1471-2164-14-360. IF= 4.397, biotechnology & applied microbiology ; 21/160</p> <p>3) ČERENAK A. et al. 2009. Identification of QTLs for alpha acid content and yield in hop (<i>Humulus lupulus</i> L.). <i>Euphytica</i>, 170, 1-2: 141-154. http://dx.doi.org/10.1007/s10681-009-9920-9. IF= 1.643, horticulture ; 7/32</p>
	ANG	<p>One of the important research activities of the group is studies focused on recombinant mapping of hop traits with agronomic and economic importance. Overall, the group has published four genetic maps, three of them in the last five years. A QTL for tolerance against Verticillium wilt in hops was recently discovered using a mapping family from a cross between the cultivar 'Wye Target' and male breeding line BL2/1. The QTL was discovered in both parental maps and it explains from 24.2-26.0% of phenotypic variability. QTL analysis for alpha-acid content and yield parameters was also performed on the same family. Comparison of the discovered QTL locations based on co-dominant microsatellite markers confirmed the QTL regions independently discovered in another mapping family ('Magnum' x BL2/1). Mapping study was also performed in an international consortium, which brought together researchers from four different research groups that are involved in hops research (Australia, New Zealand, England and Slovenia). In the latter study, various characters were mapped, such as sex expression, yield parameters and chemical characteristics of hop cones. Three scientific papers in this area published in the last few years are listed below.</p> <p>1) JAKŠE J. et al. 2013. Identification of quantitative trait loci for resistance to Verticillium wilt and yield parameters in hop (<i>Humulus lupulus</i> L.). <i>Theoretical and Applied Genetics</i>, 126, 6:1431-1443. http://dx.doi.org/10.1007/s00122-013-2062-4. IF= 3.658, horticulture ; 1/32</p> <p>2) MCADAM E. L. et al. 2013. Quantitative trait loci in hop (<i>Humulus lupulus</i> L.) reveal complex genetic architecture underlying variation in sex, yield and cone chemistry. <i>BMC genomics</i>, 14, 360: 1-27. http://dx.doi.org/10.1186/1471-2164-14-360. IF= 4.397, biotechnology & applied microbiology ; 21/160</p> <p>3) ČERENAK A. et al. 2009. Identification of QTLs for alpha acid content and yield in hop (<i>Humulus lupulus</i> L.). <i>Euphytica</i>, 170, 1-2: 141-154. http://dx.doi.org/10.1007/s10681-009-9920-9. IF= 1.643, horticulture ; 7/32</p>
Objavljeno v		<p>Springer; <i>Theoretical and Applied Genetics</i>; 2013; Vol. 126, No. 6; str. 1431-1443; Impact Factor: 3.507; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 0.979; A^{''}: 1; A[']: 1; WoS: AM, DE, KM, MU; Avtorji / Authors: Jakše Jernej, Čerenak Andreja, Radišek Sebastjan, Satović Zlatko, Luthar Zlata, Javornik Branka</p>

	Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek	
2.	COBISS ID	6122873	Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO	Izvor <i>Allium ampeloprasum</i> skupine in molekularna filogenije sekcije <i>Allium</i> (<i>Allium</i> : Alliaceae)
		ANG	Origins of <i>Allium ampeloprasum</i> horticultural groups and a molecular phylogeny of the section <i>Allium</i> (<i>Allium</i> : Alliacea)
	Opis	SLO	<p>Ugotavljali smo nekoncertrirano evolucijo ITS regije ter genetsko variabilnost kloroplastnih regij, rezultat študije pa je močno predruščil pogled na taksonomijo vrste <i>Allium ampeloprasum</i>. Ugotovili smo, da je vrsta kompleksen alopoliploid, ter da so jo v sekciji <i>Allium</i> napačno uvrščali skupaj s porom in dvema drugima podvrstama. Na osnovi študije predlagamo da se le za te akcesije uporablja nomenklatura A. <i>ampeloprasum</i>, rezultat pa bo omogočil korektno obravnavo pri vključevanju teh akcesij v postopke žlahtnjenja. Dosežek je en od večih tovrstnih prispevkov k razumevanju genetskih razlik med vrstami, podobno smo denimo sodelovali pri opisu genetske variabilnosti vrst bazilike (1) ali salikornije (2). Tovrstne študije so izhodišče za medvrstna križanja in za razumevanje izbranih vrst rastlin.</p> <p>1) CAROVIĆ STANKO K. et al. 2010. Genetic relations among basil taxa (<i>Ocimum</i> L.) based on molecular markers, nuclear DNA content, and chromosome number. <i>Plant systematics and evolution</i>, 285, 12: 1322. doi: 10.1007/s006060090251z. IF=1.369, plant sciences ; 83/187,</p> <p>2) KALIGARIČ M. et al. 2008. Genetic and morphologic variability of annual glassworts (<i>Salicornia</i> L.) from the Gulf of Trieste (Northern Adriatic). <i>Aquatic botany</i>, 89, 3: 275282. http://dx.doi.org/10.1016/j.aquabot.2008.02.003, IF=1.129, plant sciences; 77/155</p>
		ANG	<p>A method based on nonconcerted evolution of the nrITS region was used in combination with genetic analysis of cpDNA variable regions to reveal the origin of horticultural groups within <i>Allium ampeloprasum</i> and the section <i>Allium</i>. The results showed that cultivated groups differ, with Greatheaded Garlic being a complex allohexaploid or allooctoploid, while leek and another two cultivated varieties are autopolyploids and do not therefore belong to the same species. A correction to the taxonomic rank has been proposed and the results are useful for further hybridization attempts. The achievement is one of several contributions to understanding genetic differences among related species and we have participated in others, such as in the description of the genetic variability of several species of basil (1) and of salicornia (2). Such studies provide the basis for interspecific crossings and a general understanding of investigated plant species.</p> <p>1) CAROVIĆ STANKO K. et al. 2010. Genetic relations among basil taxa (<i>Ocimum</i> L.) based on molecular markers, nuclear DNA content, and chromosome number. <i>Plant systematics and evolution</i>, 285, 12: 1322. doi: 10.1007/s006060090251z. IF=1.369, plant sciences ; 83/187,</p> <p>2) KALIGARIČ M. et al. 2008. Genetic and morphologic variability of annual glassworts (<i>Salicornia</i> L.) from the Gulf of Trieste (Northern Adriatic). <i>Aquatic botany</i>, 89, 3: 275282. http://dx.doi.org/10.1016/j.aquabot.2008.02.003, IF=1.129, plant sciences; 77/155</p>
	Objavljeno v	Academic Press; <i>Molecular phylogenetics and evolution</i> ; 2010; Vol. 54, No. 2; str. 488-497; Impact Factor: 3.889; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 3.427; A': 1; WoS: CQ, HT, KM; Avtorji / Authors: Hirschegger Pablo, Jakše Jernej, Trontelj Peter, Bohanec Borut	
	Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek	
3.	COBISS ID	6353273	Vir: COBISS.SI

Naslov	SLO	Razvoj molekularnih markerjev in njihova uporaba
	ANG	Development of transcript-associated microsatellite markers for diversity and linkage mapping studies in hop (<i>Humulus lupulus</i> L.)
Opis	SLO	<p>Raziskovalna skupina je med drugim delala tudi na razvoju in uporabi tehnik raznih molekularnih markerjev s poudarkom na aplikaciji in proučevanju mikrosatelitnih markerjev pri analizah rastlinskih in glivnih genomov. Izolirali in okarakterizirali smo večje število mikrosatelitnih markerjev pri žajblju, ki smo jih uporabili za vrednotenje genetske variabilnosti populacije in za preizkus njihove uporabnosti pri drugih vrstah rodu <i>Salvia</i>. Pri hmelju smo razvili t. i. genske mikrosatelitne markerje iz javno dostopnih genskih zaporedij in pokazali njihovo uporabnost pri študijah genetske variabilnosti in tudi pri kartiranju hmelja. Razvili smo tudi molekularne markerje na osnovi ohranjenih domen, karakterističnih za odpornostne gene in tudi pokazali njihovo uporabnost pri kartiranju. Sodelovali smo v okviru mednarodnega konzorcija pri razvoju novega tipa molekularnih markerjev DArT pri hmelju. Zanimivo področje raziskav je tudi dvodomnost hmelja in pojav enodomnih rastlin, kjer smo s pomočjo mikrosatelitnih markerjev pokazali, da veliko vlogo pri tem igrajo nereducirane gamete. Identifikacijo kultivarjev in karakterizacijo variabilnosti genskega fonda smo intenzivno preučevali tudi pri vinski trti. Molekularne markerje smo uporabili tudi pri študiji variabilnosti gliv iz rodu <i>Monilinia</i>.</p> <p>V zadnjih petih letih je raziskovalna skupina na tem področju publicirala številne znanstvene objave, ki jih v nadaljevanju tudi navajamo:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1) RADOSAVLJEVIĆ I et al. 2012. Development of new microsatellite markers for <i>Salvia officinalis</i> L. and its potential use in conservation genetic studies of narrow endemic <i>Salvia brachyodon</i> Vandas. <i>International journal of molecular sciences</i>, 13, 9: 1208212093. http://dx.doi.org/10.3390/ijms130912082. IF=2.464, chemistry, multidisciplinary: 48/152. 2) RADOSAVLJEVIĆ I et al. 2011. New microsatellite markers for <i>Salvia officinalis</i> (Lamiaceae) and crossamplification in closely related species. <i>American journal of botany</i>, 98, 11: e316e318. http://dx.doi.org/10.3732/ajb.1000462. IF=2.586, plant sciences ; 47/197. 3) KOZJAK P. et al. 2009. Isolation and sequence analysis of NBSLRR disease resistance gene analogues from hop <i>Humulus lupulus</i> L. <i>Plant science</i>, 176, 6: 775782. http://dx.doi.org/10.1016/j.plantsci.2009.02.021. IF= 2.922, plant sciences ; 35/197 4) MAJER A. et al. 2014. Development of novel ESTderived resistance gene markers in hop (<i>Humulus lupulus</i> L.). <i>Molecular breeding</i>, 33, 1: 6174. http://dx.doi.org/10.1007/s1103201399349. IF=3.251, horticulture ; 2/32 5) ŠKOF S. et al. 2012. Ploidy and sex expression in monoecious hop (<i>Humulus lupulus</i>). <i>Botany</i>, 90, 7: 617626. http://dx.doi.org/10.1139/b2012037. IF=1.225, plant sciences;101/197 6) GRIL T. et al. 2010. Fluorescent AFLP fingerprinting of <i>Monilinia fruticola</i>. <i>Journal of plant diseases and protection</i>, 117, 4: 168172. IF=0.605, agriculture, multidisciplinary ; 30/57 7) HOWARD E.L. et al. 2011. Highthroughput genotyping of hop (<i>Humulus lupulus</i> L.) utilising diversity arrays technology (DArT). <i>Theoretical and Applied Genetics</i>, 122, 7: 12651280. http://dx.doi.org/10.1007/s0012201115294. IF= 3.658, horticulture; 1/32
		The research group has also worked in the field of development and technical applications of molecular markers, with an emphasis on research and characterization of microsatellite markers for analysis of plant and fungal genomes. We have isolated and characterized a large

		<p>number of microsatellite markers in common sage, which were used for a genetic variability study of a selected population and for testing their applicability in cross taxa research. In hops, genetic microsatellite markers were developed based on publicly available sequences and their suitability was shown for genetic variability studies and for recombinant mapping efforts in hops. In addition, molecular markers in hops were developed based on conserved domain motifs specific for resistance genes and this type of marker was also used for genetic mapping. We collaborated in an international group which developed DArT markers. An interesting field of study in which our group is involved is dioecism in hops and the emergence of hermaphrodites. We have shown with the application of microsatellite markers that unreduced gametes play an important role in the latter trait. Grapevine cultivar identification and germplasm evaluation was also conducted. Molecular markers were also used for diversity studies of a plant pathogen from the genus <i>Monilinia</i>. In the last five years, the research group has published several papers in the described field, which are listed below:</p> <p>1) RADOSAVLJEVIĆ I et al. 2012. Development of new microsatellite markers for <i>Salvia officinalis</i> L. and its potential use in conservation genetic studies of narrow endemic <i>Salvia brachyodon</i> Vandas. <i>International journal of molecular sciences</i>, 13, 9: 1208212093. http://dx.doi.org/10.3390/ijms130912082. IF=2.464, chemistry, multidisciplinary: 48/152.</p> <p>2) RADOSAVLJEVIĆ I et al. 2011. New microsatellite markers for <i>Salvia officinalis</i> (Lamiaceae) and cross amplification in closely related species. <i>American journal of botany</i>, 98, 11: e316e318. http://dx.doi.org/10.3732/ajb.1000462. IF=2.586, plant sciences ; 47/197.</p> <p>3) KOZJAK P. et al. 2009. Isolation and sequence analysis of NBSLRR disease resistance gene analogues from hop <i>Humulus lupulus</i> L. <i>Plant science</i>, 176, 6: 775782. http://dx.doi.org/10.1016/j.plantsci.2009.02.021. IF= 2.922, plant sciences ; 35/197</p> <p>4) MAJER A. et al. 2014. Development of novel EST derived resistance gene markers in hop (<i>Humulus lupulus</i> L.). <i>Molecular breeding</i>, 33, 1: 6174. http://dx.doi.org/10.1007/s1103201399349. IF=3.251, horticulture ; 2/32</p> <p>5) ŠKOF S. et al. 2012. Ploidy and sex expression in monoecious hop (<i>Humulus lupulus</i>). <i>Botany</i>, 90, 7: 617626. http://dx.doi.org/10.1139/b2012037. IF=1.225, plant sciences; 101/197</p> <p>6) GRIL T. et al. 2010. Fluorescent AFLP fingerprinting of <i>Monilinia fructicola</i>. <i>Journal of plant diseases and protection</i>, 117, 4: 168172. IF=0.605, agriculture, multidisciplinary ; 30/57</p> <p>7) HOWARD E.L. et al. 2011. High throughput genotyping of hop (<i>Humulus lupulus</i> L.) utilising diversity arrays technology (DArT). <i>Theoretical and Applied Genetics</i>, 122, 7: 12651280. http://dx.doi.org/10.1007/s0012201115294. IF= 3.658, horticulture; 1/32</p>
	Objavljeno v	Kluwer Academic Publishers; <i>Molecular breeding</i> ; 2011; Vol. 28, no. 2; str. 227-239; Impact Factor: 2.852; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 0.997; A'': 1; A': 1; WoS: AM, DE, KM, MU; Avtorji / Authors: Jakše Jernej, Štajner Nataša, Luthar Zlata, Jeltsch Jean-Marc, Javornik Branka
	Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek
4.	COBISS ID	7583609
		Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO Sekvenciranje transkriptoma čebule za izdelavo SNP markerjev za gensko karto

	ANG	Transcriptome sequencing to produce SNP-based genetic maps of onion
Opis	SLO	<p>Že vrsto let je ena glavnih raziskovalnih usmeritev skupine pridobivanje haploidnih in podvojenih haploidnih rastlin pri različnih rastlinskih vrstah, kar se kaže v preko 20 objavah v revijah s faktorjem vpliva in v številnih predstavitvah na mednarodnih konferencah. Izdelani protokoli so uporabni tako za genetske študije kakor za praktično žlahtnjenje rastlin. Članek »Transcriptome sequencing to produce SNPbased genetic maps of onion« opisuje analizo transkriptoma homozigotnih linij čebule za namen genskega kartiranja na podlagi SNP markerjev, ki smo jo opravili v sodelovanju s kolegi iz Združenih držav Amerike (vodja raziskave Dr. Michael Havey, USDA – ARS, Department of Horticulture, University of Wisconsin). Za namen raziskave smo v našem laboratoriju pridobili preko 400 podvojenih haploidnih rastlin čebule, ki so bile po izvoru F1 generacija križancev genetsko zelo oddaljenih staršev. Zaradi popolne homozigotnosti podvojenih haploidov je bila genomska študija zelo poenostavljena, omogočena pa je bila tudi serija drugih raziskav. Ena od teh (raziskava o dedovanju barve čebule) je bila že sprejeta v objavo v letu 2014 (1). Naši najbolj uspešni protokoli pridobivanja homozigotnih linij pri čebuli so bili že uspešno preneseni k domačim (Semenarna Ljubljana d. d.) in tujim (Rijk Zwaan Nizozemska, ISI Sementi, Italija) semenarskim podjetjem, s katerimi tudi nadaljujemo sodelovanje. Protokol haploidne indukcije pri zelju (preko mikrospor) pa je osnova strokovni nalogi, ki smo jo pričeli pravkar izvajati z namenom p ožlahtnitve prvih slovenskih hibridnih kultivarjev zelja.</p> <p>1) DUANGJIT et al. Genetic analyzes of anthocyanin concentrations and intensity of red bulb color among segregating progenies of haploid onion. Molecular breeding, 2014, in press</p>
	ANG	<p>For several years, one of the main research focuses of our group has been the acquisition of haploid and doubled haploid plants in various plant species, resulting in over 20 publications in journals with an impact factor and in a number of presentations at international conferences. The designed protocols are useful for genetic studies as well as for practical plant breeding. The above article, which describes analysis of the transcriptomes of homozygous onion lines for the purpose of genetic mapping on the basis of SNP markers, was performed in collaboration with colleagues from the United States of America (research leader Dr . Michael Havey , USDA ARS , Department of Horticulture , University of Wisconsin). Our laboratory contributed over 400 haploid onion lines, which were the source for transcriptome analysis derived from genetically very distant parents. Due to the simplified segregation pattern, analysis was much more accurate than with other studies. This mapping family was additionally used in other studies. One of these (the study of inheritance colored onion) has been accepted for publication in 2014 (1) . Our most successful protocols of obtaining homozygous lines through induction of haploid onions have already been successfully transferred to domestic (Semenarna Ljubljana d. d.) and foreign (Rijk Zwaan Netherlands , ISI Sementi , Italy) seed companies, with whom we continue cooperation. In cabbage, a haploid induction protocol is currently used by us in an applied project aimed at developing the first Slovenian hybrid cabbage varieties.</p> <p>1) DUANGJIT et al. Genetic analyzes of anthocyanin concentrations and intensity of red bulb color among segregating</p>
Objavljeno v		Springer; Theoretical and Applied Genetics; 2013; Vol. 126, Issue 8; str. 2093-2101; Impact Factor: 3.507;Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 0.979; A'': 1;A': 1; WoS: AM, DE, KM, MU; Avtorji / Authors: Duangjit J., Bohanec Borut, Chan Agnes P., Town Christopher, Havey Michael J.
		1.01

Tipologija		Izvirni znanstveni članek	
5.	COBISS ID	7753593	Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO	Karakterizacija genetske variabilnosti in strukture avtohtonih sort vinske trte zahodnega Balkana z mikrosatelitskimi markerji
		ANG	Microsatellite inferred genetic diversity and structure of Western Balkan grapevines (<i>Vitis vinifera</i> L.)
Opis		SLO	<p>Univerza v Ljubljani, vodja projekta B. Javornik, je koordinirala 7.OP projekt see.era.net plus »Towards the preservation of autochthonous grapevine (<i>Vitis vinifera</i> L.) varieties in West Balkan countries«. V projektu, ki je trajal dve leti, so poleg Slovenije sodelovale še Srbija, Bosna in Hercegovina in Makedonija. V projektu, ki je bil sofinanciran s strani raziskovalnega programa, smo zbirali in analizirali z molekulskimi markerji avtohtone sorte vinske trte, ki se še nahajajo na področju zahodnega Balkana. Zbrali smo 196 različnih sort, ki so na osnovi DNA fingerprintiga rezultirali v 125 edinstvenih genotipih. Izdelana je bila podatkovna zbirka genotipov, ki je javno dostopna (http://vitis.atcglabs.com/). Nadalje je bila proučena genetska struktura in sorodnost genotipov, iz vrednotenih so bili nekateri rodovniki, sinonimi in homonimi ter celoten genski pool je bil primerjan s svetovno kolekcijo genotipov vinske trte. S to raziskavo smo na mednarodno primerljivi ravni opisali genski fond vinske trte na območju zahodnega Balkana, ki je bil do sedaj zanemaren in neupoštevani v svetovnih kolekcijah.</p> <p>Na področju genotipizacije vinske trte smo objavili tudi sledeče članke:</p> <p>1) TOMIĆ, Lidija, ŠTAJNER, Nataša, JAVORNIK, Branka. Characterization of grapevines by the use of genetic markers. V: POLJUHA, Danijela (ur.), SLADONJA, Barbara (ur.). The Mediteranean genetic code - grapevine and olive. Rijeka: InTech, 2013, str. 3-23. http://dx.doi.org/10.5772/52833. IF=0.859, horticulture ; 13/32</p> <p>2) ŠTAJNER N. e tal. 2009. Highly variable AFLP and S-SAP markers for the identification of 'Malbec' and 'Syrah' clones. <i>Vitis</i>, 48, 3: 145-150. IF=2.397, forestry ; 6/62</p> <p>4) TOMIĆ L. et al. 2012. Identity and genetic relatedness of Bosnia and Herzegovina grapevine germplasm. <i>Scientia horticultrae</i>, 143: 122-126. http://dx.doi.org/10.1016/j.scienta.2012.05.023. IF=1.396, horticulture ; 9/32</p> <p>5) ŠTAJNER N. 2011. Genetic characterization of old Slovenian grapevine varieties of <i>Vitis vinifera</i> L. by microsatellite genotyping. <i>American of enology and viticulture</i>, 62, 2: 250-255, http://dx.doi.org/10.5344/ajev.2011.10011. IF=1.856, horticulture ; 6/32</p> <p>6) RUSJAN D. 2010. Evaluation of genetic diversity: which of the varieties can be named 'Rebula' (<i>Vitis vinifera</i> L.)?. <i>Vitis</i>, 49, 4: 189-192. IF=0.859, horticulture ; 13/32</p> <p>7) ŠTAJNER N. et al. 2009. Microsatellite marker analysis of Macedonian grapevines (<i>Vitis vinifera</i> L.) compared to Bulgarian and Greek cultivars. <i>Journal international des sciences de la vigne et du vin</i>, 43, 1: 29-34. IF=0.83, horticulture ; 14/32</p>

		<p>125 unique genotypes on the basis of fingerprints obtained by 22 microsatellite markers. A user-friendly database (http://vitis.atcglabs.com/) of fingerprinted genotypes was set up and is publicly accessible. We further studied the genetic structure and relationships among genotypes, evaluated their pedigrees, synonyms and homonyms and the entire gene pool was compared with the world collection of grapevine genotypes. The grapevine genotypes from the Western Balkans, which had been neglected in world collections, are now described for the first time on an internationally comparable level and can be further explored for grapevine selection and breeding.</p> <p>In the field of genetic diversity of grapevine the following articles were also published:</p> <p>1) TOMIĆ, Lidija, ŠTAJNER, Nataša, JAVORNIK, Branka. Characterization of grapevines by the use of genetic markers. V: POLJUHA, Danijela (ur.), SLADONJA, Barbara (ur.). The Mediterranean genetic code - grapevine and olive. Rijeka: InTech, 2013, str. 3-23. http://dx.doi.org/10.5772/52833.</p> <p>2) ŠTAJNER N. et al. 2009. Highly variable AFLP and S-SAP markers for the identification of 'Malbec' and 'Syrah' clones. <i>Vitis</i>, 48, 3: 145-150. IF=0.859, horticulture ; 13/32</p> <p>2) ŠTAJNER N. et al. 2013. Microsatellite inferred genetic diversity and structure of Western Balkan grapevines (<i>Vitis vinifera</i> L.). <i>Tree genetics & genomes</i>, 10, 1: 127-140. http://dx.doi.org/10.1007/s11295-013-0670-4. IF=2.397, forestry ; 6/62</p> <p>4) TOMIĆ L. et al. 2012. Identity and genetic relatedness of Bosnia and Herzegovina grapevine germplasm. <i>Scientia horticultrae</i>, 143: 122-126. http://dx.doi.org/10.1016/j.scienta.2012.05.023. IF=1.396, horticulture ; 9/32</p> <p>5) ŠTAJNER N. 2011. Genetic characterization of old Slovenian grapevine varieties of <i>Vitis vinifera</i> L. by microsatellite genotyping. <i>American journal of enology and viticulture</i>, 62, 2: 250-255, http://dx.doi.org/10.5344/ajev.2011.10011. IF=1.856, horticulture ; 6/32</p> <p>6) RUSJAN D. 2010. Evaluation of genetic diversity: which of the varieties can be named 'Rebula' (<i>Vitis vinifera</i> L.)?. <i>Vitis</i>, 49, 4: 189-192. IF=0.859, horticulture ; 13/32</p> <p>7) ŠTAJNER N. et al. 2009. Microsatellite marker analysis of Macedonian grapevines (<i>Vitis vinifera</i> L.) compared to Bulgarian and Greek cultivars. <i>Journal international des sciences de la vigne et du vin</i>, 43, 1: 29-34. IF=0.83, horticulture ; 14/32</p>
	Objavljeno v	Springer.; <i>Tree genetics & genomes</i> ; 2013; Vol. 10, Iss. 1; str. 127-140; Impact Factor: 2.435; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 0.979; A': 1; WoS: KA, KM, MU; Avtorji / Authors: Štajner Nataša, Tomić Lidija, Ivanišević Dragoslav, Korać Nada, Jovanović Cvetković Tatjana, Beleski Klime, Angelova Elizabeta, Maraš Vesna, Javornik Branka
	Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek

7. Najpomembnejši družbeno-ekonomski rezultati programske skupine⁶

	Družbeno-ekonomski dosežek	
1.	COBISS ID	6250617 Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO Nove sorte hmelja in pšenice
		ANG New varieties of hop and wheat
		Člani programske skupine so aktivno vključeni v proces vzgoje novih sort kmetijskih rastlin. V zadnjih letih so registrirali 5 novih sort, in sicer 2 sorti hmelja in 3 sorte pšenice. V primeru registracije nove sorte in njene nadaljnje pridelave gre za očiten prenos znanja v prakso. Člani skupine

Opis	SLO	so na ta način svoje znanstveno znanje o lastnostih rastlin in njihovi genetiki prenesli na aplikativen nivo. V primeru hmelja sta bili registrirani 2 sorti (finoaromatična in grenčična) z izkazano bistveno višjo odpornostjo na boleznih, zlasti na letalno obliko verticilijske uvelosti hmelja, kar bo omogočalo večjo stabilnost slovenske proizvodnje hmelja. Prav tako so vse 3 nove sorte pšenice žlahtnjene na boljše kakovostne parametre in večjo prilagodljivost na spremenjene klimatske razmere. Vseh 5 sort je že v pridelavi. Novi sorti hmelja zaključujeta postopek patentne zaščite na Uradu skupnosti za sorte Evropske unije, v Angersu, Francija.	
	ANG	Members of the programme group are actively included in the process of developing new varieties of agricultural plants. In the last years, 5 new varieties have been registered, 2 hop and 3 wheat varieties. The registration of a new variety and its production is a very good example of transfer of knowledge to practice. The members of the group have directly applied scientific knowledge about a plant and its genetics in practical application. In the case of hop, two varieties (noble aroma and bitter types) have been registered, with improved high disease resistance, especially to the lethal form of verticillium wilt, which is enabling sustainable Slovenian hop production. All 3 new wheat varieties have been bred for better quality parameters, as well as higher adaptability to climate change conditions. All 5 varieties are already in production. The new hop varieties are concluding the procedure of patent protection at the Community Plant Variety Office, Angers, France.	
Šifra	F.33 Patent v Sloveniji		
Objavljeno v	RS Ministrstvo za kmetijstvo, gozdarstvo in prehrano; 2010; 3 str.; A": 1; A': 1; Avtorji / Authors: Tajnšek Anton		
Tipologija	2.22 Nova sorta		
2.	COBISS ID	7028857	Vir: COBISS.SI
Opis	SLO	Diagnostika rastlinskih patogenov	
	ANG	Plant pathogenes diagnostics	
Opis	SLO	Raziskovalna skupina uspešno deluje na področju odkrivanja in potrjevanja identitete novih povzročiteljev boleznih pri rastlinah s poudarkom na hmelju in razvoju novih molekulskih metod za njihovo diagnostiko, ki so v rutinski uporabi. Skupina je nedavno potrdila obstoj novega viroida pri hmelju. V zadnjih petih letih je skupina poročala o svojih aktivnostih na tem področju v številnih znanstvenih objavah, ki jih v nadaljevanju tudi navajamo. S področja te tematike je skupina sodelovala tudi z 10-imi prispevki na znanstvenih konferencah. Znanstveni članki: 1) RADIŠEK S. et al. 2012. First report of Hop stunt viroid infecting hop in Slovenia. Plant disease, 96, 4: 592. http://dx.doi.org/10.1094/PDIS-08-11-0640-PDN . IF=2.455, plant sciences ; 53/197 2) RADIŠEK S. e tal. 2012. First report of powdery mildew caused by Golovinomyces biocellatus on common sage (Salvia officinalis) in Slovenia. Plant disease, 96, 7: 1065. http://dx.doi.org/10.1094/PDIS-01-12-0010-PDN . IF=2.455, plant sciences ; 53/197 3) RADIŠEK S. et al. 2009. Identification of a phytoplasma from the aster yellows group infecting purple coneflower (Echinacea purpurea) in Slovenia. Plant Pathology, 58: 392. http://dx.doi.org/10.1111/j.1365-3059.2008.02005.x . IF=2.729, agronomy ; 8/78 4) RADIŠEK S. 2009. Occurrence of Cercospora cantuariensis on hop in Austria and Slovenia. Plant Pathology, 58: 400. http://dx.doi.org/10.1111/j.1365-3059.2008.01962.x . IF=2.729, agronomy ; 8/78	
	ANG		

		<p>The research group works successfully in the field of determination and identification of novel disease agents in plants, particularly in hops. In addition, the researchers have been working on the development and implementation of new molecular methods for their identification, which are now in routine use. The group recently identified and confirmed the existence of a novel hop viroid. The research group has published several scientific papers related to his field, which are listed at the end of the text. Members of the research group also attended several scientific conferences and presented 10 contributions related to these achievements.</p> <p>Scientific papers:</p> <p>1) RADIŠEK S. et al. 2012. First report of Hop stunt viroid infecting hop in Slovenia. <i>Plant disease</i>, 96, 4: 592. http://dx.doi.org/10.1094/PDIS-08-11-0640-PDN. IF=2.455, <i>plant sciences</i> ; 53/197</p> <p>2) RADIŠEK S. e tal. 2012. First report of powdery mildew caused by <i>Golovinomyces biocellatus</i> on common sage (<i>Salvia officinalis</i>) in Slovenia. <i>Plant disease</i>, 96, 7: 1065. http://dx.doi.org/10.1094/PDIS-01-12-0010-PDN. IF=2.455, <i>plant sciences</i> ; 53/197</p> <p>3) RADIŠEK S. et al. 2009. Identification of a phytoplasma from the aster yellows group infecting purple coneflower (<i>Echinacea purpurea</i>) in Slovenia. <i>Plant Pathology</i>, 58: 392. http://dx.doi.org/10.1111/j.1365-3059.2008.02005.x. IF=2.729, <i>agronomy</i> ; 8/78</p> <p>4) RADIŠEK S. 2009. Occurrence of <i>Cercospora cantuariensis</i> on hop in Austria and Slovenia. <i>Plant Pathology</i>, 58: 400. http://dx.doi.org/10.1111/j.1365-3059.2008.019; IF=2.729, <i>agronomy</i> 8/78</p>
	Šifra	F.17 Prenos obstoječih tehnologij, znanj, metod in postopkov v prakso
	Objavljeno v	American Phytopathological Society; <i>Plant disease</i> ; 2012; Vol. 96, No. 4; str. 592; Impact Factor: 2.455; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 1.941; WoS: DE; Avtorji / Authors: Radišek Sebastjan, Majer Aljaž, Jakše Jernej, Javornik Branka, Matoušek Jaroslav
	Tipologija	1.03 Kratki znanstveni prispevek
3.	COBISS ID	7424121 Vir: COBISS.SI
	Naslov	<i>SLO</i> Sodelovanje v mednarodnih komisijah za obravnavo biološke varnosti
		<i>ANG</i> Participation in the international groups dealing with biosafety
	Opis	<i>SLO</i> B. Javornik je v letih 2009-2010 in 2010-2012 sodelovala v skupini ekspertov AHTEG v okviru Kartagenskega protokola o biološki varnosti pri Konvenciji o biotski pestrosti, Sekretariat CBD, Montreal, Kanada, ki je imela nalogo pripraviti izpopolnjena navodila za izvajanje ocene tveganja za gensko spremenjene organizme. Leta 2009 je B. Javornik bila članica Delovne skupine za biotehnologijo v okviru pristopnega procesa Slovenije za članstvo v OECD. B. Bohanec je l.2009 sodeloval pri delu delovne skupine »Nove tehnike v žlahtnjenju rastlin« vodene pri Evropski komisiji v Bruslju (v skladu z direktivo 2001/18/EC). Komisija je izdelala zaključni dokument, ki je podlaga odločanju o tem politično zelo občutljivem vprašanju, obenem pa ključno za razvoj rastlinske biotehnologije v Evropi.
		<i>ANG</i> In 2009-2010 and 2010-2012, Branka Javornik was a member of the »Ad hoc technical expert group on risk assessment and risk management under the Cartagena Protocol on biosafety«, which was established by decision of the 4th meeting of COP MOP, CBD Secretariat, Montreal, Canada with the task of preparing updated biosafety guidelines. B. Javornik was also a member of the "Working Group of Biotechnology" within the framework of the accession negotiations for Slovene membership of OECD in 2009. B. Bohanec was a member of a working

		group "New techniques in plant breeding" within Directive 2001/18/EC at the European Commission. The Commission has produced a final document, which will serve as the basis for further decisions on this politically highly sensitive issue, which is at the same time also crucial for the development of plant biotechnology in Europe.
	Šifra	D.03 Članstvo v tujih/mednarodnih odborih/komitejih
	Objavljeno v	Participation in the Second meeting of the Ad Hoc Technical Expert Group (AHTEG) on risk assessment and risk management: [round table], Ljubljana, 19-23 April 20102010; Avtorji / Authors: Javornik Branka
	Tipologija	3.25 Druga izvedena dela
4.	COBISS ID	7902585 Vir: COBISS.SI
	Naslov	<i>SLO</i> Popularizacija znanosti
		<i>ANG</i> Popularization of science
	Opis	<p><i>SLO</i> Na povabilo organizatorjev dogodka je imel dr. Borut Bohanec predavanje »GSO nasprotja-znanost vs. javni strah« pod okriljem TEDx dogodka »Moč odgovornih idej«, ki je bil kasneje objavljen na YouTube. Tematika se dotika pojasnjevanja sodobnih biotehnoloških dognanj v žlahtnjenju rastlin. Tudi sicer člani programske skupine prispevajo k popularizaciji znanosti s sodelovanjem v radijskih in televizijskih oddajah (22 prispevkov), s prispevki v javnih občilih (58 prispevkov) in s sodelovanjem na različnih srečanjih (53 prispevkov). Ti prispevki so se poleg predstavitve raziskovalnega dela skupine večinoma nanašali na problematike kmetijstva in pridelovanja hrane. http://www.youtube.com/watch?v=mz4_TwdaYeI&index=3&list=PLsRNoUx8w3rN60qyDHuokGx5o00WclVHK http://www.tedxljubljan.com/</p> <p><i>ANG</i> In response to an invitation, Prof. Borut Bohanec lectured on »GMO controversies - science vs. public fear« at the TEDx conference entitled »Power of responsible ideas«, which was later released on YouTube. Within his presentation, meant for the general public, the author elaborated his opinion of modern methods of plant biotechnology. In general, the members of the programme group have participated in numerous radio and television broadcasts (22 times), have had interviews (20 times), published critical thinking (58 times) and have given lectures at public meetings (53 times). These popular contributions, in addition to presentation of the group's research work, were mainly discussing issues of agriculture and food production. http://www.youtube.com/watch?v=mz4_TwdaYeI&index=3&list=PLsRNoUx8w3rN60qyDHuokGx5o00WclVHK http://www.tedxljubljan.com/</p>
	Šifra	B.06 Drugo
	Objavljeno v	2014; Avtorji / Authors: Bohanec Borut
	Tipologija	3.16 Vabljen predavanje na konferenci brez natisa
5.	COBISS ID	7593593 Vir: COBISS.SI
	Naslov	<i>SLO</i> Organizacija mednarodnega simpozija
		<i>ANG</i> Organization of an international symposium
		Na 11. Mednarodnem simpoziju o Verticiliju (Göttingen, Nemčija, 5-8. maj 2013) je skupina predstavila tekoče raziskave, ki vključujejo študij genoma in sekretoma patogena V.albo-atrum, interakcije med V.albo-atrum in hmeljem ter genetske osnove odpornosti hmelja na povzročitelja Verticilijske uvelosti (skupaj 3 predavanja in 8 postrov). Predstavitev naših raziskav na simpoziju je bila deležna precejšnje pozornosti in mednarodni »steering committee« nas je predlagal izmed štirih kandidatov za

Opis	SLO	<p>organizatorja 12. Mednarodnega simpozija o Verticiliju. Počaščeni smo bili s predlogom in smo ponudbo sprejeli. Navajamo naslove prispevkov: JAVORNIK et al. Studies of Verticillium-hop pathosystem. JAKŠE et al. Comparative genomics of Verticillium albo-atrum strains reveals strain specific regions. MANDELIC et al. Comparative analysis of Verticillium albo-atrum secretome. FLAJŠMAN et al. Targeted knock-out transformants of Verticillium albo-atrum. TURK et al. Colonization of susceptible and resistant hop cultivars following infection by Verticillium albo-atrum. JAVORNIK CREGEEN et al. Differential gene expression during interaction of resistant and susceptible hop cultivars (<i>Humulus lupulus</i> L.) with Verticillium albo-atrum. MAJER et al. HLve1, a hop (<i>Humulus lupulus</i> L.) homolog of the tomato Ve1 gene, recognizes the fungal effector Av1. MANDELIC et al. Comparative proteomics in interaction of hop and Verticillium albo-atrum. JAKŠE et al. Identification of QTL associated with hop resistance to Verticillium albo-atrum. KAURIN et al. Development and characterization of microsatellite markers for analysis of genetic diversity in Verticillium species. RADIŠEK et al. The suppression of Verticillium wilt of hop by biofumigation.</p>
	ANG	<p>At the 11th International Verticillium Symposium (Göttingen, Germany, 5-8 May 2013), our group presented current research on genomes and secretomes of <i>V. albo-atrum</i>, hop-<i>V. albo-atrum</i> interactions and the genetic basis of hop resistance to Verticillium wilt (3 lectures and 8 posters). The presentations were well received by the Verticillium scientific community and the »steering committee« chose us out of four candidates as the organiser of the 12th International Verticillium Symposium. We were honoured with the nomination, which we accepted. Below are listed our contributions: JAVORNIK et al. Studies of Verticillium-hop pathosystem. JAKŠE et al. Comparative genomics of Verticillium albo-atrum strains reveals strain specific regions. MANDELIC et al. Comparative analysis of Verticillium albo-atrum secretome. FLAJŠMAN et al. Targeted knock-out transformants of Verticillium albo-atrum. TURK et al. Colonization of susceptible and resistant hop cultivars following infection by Verticillium albo-atrum. JAVORNIK CREGEEN et al. Differential gene expression during interaction of resistant and susceptible hop cultivars (<i>Humulus lupulus</i> L.) with Verticillium albo-atrum. MAJER et al. HLve1, a hop (<i>Humulus lupulus</i> L.) homolog of the tomato Ve1 gene, recognizes the fungal effector Av1. MANDELIC et al. Comparative proteomics in interaction of hop and Verticillium albo-atrum. JAKŠE et al. Identification of QTL associated with hop resistance to Verticillium albo-atrum. KAURIN et al. Development and characterization of microsatellite markers for analysis of genetic diversity in Verticillium species. RADIŠEK et al. The suppression of Verticillium wilt of hop by biofumigation.</p>
Šifra		B.01 Organizator znanstvenega srečanja
		DPG Verlag; 11th International Verticillium symposium, Göttingen, Germany, 5-8 May 2013; 2013; Str. 42; Avtorji / Authors: Javornik Branka,

Objavljeno v	Jakše Jernej, Majer Aljaž, Mandelc Stanislav, Radišek Sebastjan, Čerenak Andreja, Štajner Nataša, Rot Gregor, Jelen Vid, Flajšman Marko, Satović Zlatko, Zupan Blaž
Tipologija	1.12 Objavljeni povzetek znanstvenega prispevka na konferenci

8. Drugi pomembni rezultati programske skupine⁷

Genomika glive *Verticillium albo-atrum*:

Pri proučevanju virulence in patogeneze *Verticillium albo-atrum* smo sekvencirali 6 genomov različno virulentnih patotipov glive. V letu 2013 smo uspeli z dodanimi analizami kakovostno obdelati genomske podatke.

a) Denovo zlaganje genoma *Verticillija* in optična karta

Genom smo uspeli skupaj s korakom scaffoldinga zložiti v 482 kontigov, skupna velikost sestavljenega genoma je bila 34.055.210 bp, v prvih 200 sestavljenih kontigih je bilo predstavljeno kar 97.4 % genoma.

Sestavljenje genoma lahko dodatno izboljšamo s fizično karto genoma, na katero poravnamo sestavljene kontige. Optična velikost genoma je bila določena 35.171 Mb, restriktivne vzorce so uspeli zložiti v 10 linearnih molekul in karto smo nato uporabili za zlaganje in poravnavo naših kontigov.

b) Priprava bioinformatičkih resursov

Za prikaz rezultatov in hitro izmenjavo letih smo namenili poseben računalniški server, ki je dostopen zaenkrat samo z uporabniškim imenom in geslom, bo pa v prihodnosti javno dostopen. Na njem sta trenutno nameščeni dve orodji:

b1) BLAST server – orodje ki omogoča iskanje z blast algoritmi po našem genomu glive (<http://vert.fri.unilj.si/blast>)

b2) Jbrowse brskalnik – orodje, ki omogoča hitro vizualizacijo željenih podatkov in rezultatov genomskih podatkov (<http://vert.fr.unilj.si/browser>)

c) Obdelava podatkov genoma

Obdelava genomskih podatkov genoma je zajemala različne korake:

c1) Kartiranje 5ih genomov *verticillija* na referenčno zaporedje

c2) Analiza ponovljivih zaporedij v referenčnem genomu

c3) Izdelava genskih modelov

c4) Anotacija genskih modelov

c5) RNAseq

analiza

d) Identifikacija

9. Pomen raziskovalnih rezultatov programske skupine⁸

9.1. Pomen za razvoj znanosti⁹

SLO

Raziskovalni program vključuje osnovne in uporabne raziskave na področju genetike kmetijskih rastlin in rastlinske biotehnologije s poudarkom na molekularni analizi rastlinskih genomov, indukciji haploidov in genskemu transferju. Glavne raziskovalne usmeritve so bile študij ginogeneze in androgeneze za pridobivanje haploidnih rastlin, študij somatske embriogeneze za izboljšanje regenerativnih sposobnosti rastlin, medvrstna križanja, vrednotenje medvrstne in vrstne genetske variabilnosti pri uporabi genskih virov ter za študij biodiverzitete; DNA genotipizaciji sort kmetijskih rastlin za njihovo karakterizacijo in identifikacijo; razvoj genomskih in proteomskih orodij za gensko kartiranje in iskanje ekonomsko zanimivih genov in lastnosti; uporaba tehnik genskega spreminjanja in študij stabilnosti ekspresije (trans)genov. Rezultati raziskav so prispevali novosti na področju rastlinske genetike in biotehnologije predvsem z razvojem novih metodologij pri indukciji haploidov, proučitvi mehanizma ginogeneze, z novimi medvrstnimi hibridi, gnotipizaciji velikega števila avtohtonih sort vinske trte in kartiranjem lokusa za rezistenco pi hmelju. Skupina je med vodilnimi v svetu na področju ginogeneze pri čebuli in pri genetiki hmelja. Skupina je vpeta v recipročno mednarodno izmenjavo znanja preko projektnega sodelovanja, vključenosti v mednarodne

skupnosti in aktivne participacije v mednarodnih znanstvenih krogih in s tem prispeva k razvoju znanosti v širšem smislu.

ANG

The research program included basic and applied research in plant genetics and biotechnology, with an emphasis on the application of biotechnological methods intended for overcoming breeding barriers and establishing entirely new breeding possibilities, as well as molecular analysis of plant genomes. The main research orientations were the study of gynogenesis and androgenesis for haploid production, study of somatic embryogenesis for improvement of plant regeneration, inter-species hybridization, evaluation of genetic diversity for the use of genetic resources, genetic mapping for studying economically important traits, DNA genotyping of plants for their identification and characterization, development of genomic and proteomic tools for studying plant pathogen interactions and similar. The results obtained have contributed to scientific knowledge, with some results oriented to practical application in breeding. Outstanding results were obtained in the development of new protocols for haploid induction, using new inter-species hybrids, genotyping of a large number of autochthonous varieties of grapevine and gene mapping of hop and identification of the resistant locus. The group is among leading groups in the fields of haploid induction in onion and hop genetics. The group is involved in the reciprocal international exchange of knowledge through project cooperation, and active participation in international scientific circles.

9.2. Pomen za razvoj Slovenije¹⁰

SLO

Biotehnoške raziskave kmetijskih rastlin sodijo med tista znanja, kjer je razvoj znanosti najbolj skokovit. Po številnih predvidevanjih bodo ta znanja predstavljala vodilo napredka v 21. stoletju. Prispevek te programske skupine je seveda v mejah zmožnosti in tudi družbene klime, ki je zdaj bolj zdaj manj naklonjena določenim usmeritvam. Da bi pospešili uporabo te vrhunske tehnologije v aplikacijah tudi v Sloveniji, smo inicirali program razvoja slovenskega žlahtnjenja rastlin. Prof. dr. Borut Bohanec je bil s strani Ministrstva za kmetijstvo, gozdarstvo in prehrano imenovan za vodjo komisije za pripravo ukrepov s področja žlahtnjenja lastnih sort kmetijskih rastlin v Republiki Sloveniji, namen skupine pa je bil osnovati izhodišča, ki bi privedla do sistematične izrabe domačega znanja in tržnih aplikacij. S strani pripravljalcev je bilo nato opravljeno delo po dogovoru in program se v izvaja v skromnem finančnem obsegu. Programska skupina si bo še naprej prizadevala za učinkovit prenos znanj v prakso in pričakujemo, da bodo rezultati raziskav v veliko podporo žlahtniteljskim programom. Takšno sodelovanje imamo uspešno razvito na področju hmelja, ki je ena pomembnejših kmetijskih kultur v Sloveniji. Sodobne tehnologije so sinonim za večjo prehransko varnost, varnost okolja in človeka, večjo gospodarnost in večjo bogastvo kulturne krajine. Ob ustreznem pristopu so lahko trajnostne vse oblike kmetovanja z uvajanjem sodobnih sort kmetijskih rastlin. Pomemben posreden pomen bo imel raziskovalni program pri prenosu sodobnih znanj v pedagoški proces na strokovnem, dodiplomskem in podiplomskem nivoju. To je izjemnega pomena, saj le tako lahko izobražujemo konkurenčen kader, ki bo lahko doma osvojeno znanje prenašal v gospodarstvo ter s tem prispeval k ustvarjanju nove vrednosti.

ANG

Biotechnological research of crops is among the areas of science in which progress is most dramatic. According to many predictions, such knowledge will be an indicator of progress in the 21st century. The contribution of this programme group is of course at the limits of capacities and the social climate, which is sometimes more and sometimes less inclined to specific trends. In order to accelerate application of this top technology in Slovenia, we have initiated a programme of development of Slovene plant breeding. Prof. Dr. Borut Bohanec was appointed by the Ministry of Agriculture, Forestry and Food to head a commission for the preparation of measures in the area of breeding our own varieties in Slovenia, and the intention of the group has been to establish starting points that could lead to systematic exploitation of local knowledge and market applications. Preparatory work was then carried out by agreement and the project started within a limited financial framework. The programme group will nevertheless strive for effective transfer of knowledge into practice and we anticipate that results of the proposed research will be a major support to breeding programmes. Such relationship has been

already established with our hop breeders. Modern technologies ensure greater food safety, protection of the environment and man, better economic efficiency and greater diversity of the cultural landscape. With a suitable approach, with the introduction of modern varieties of plants, all forms of agriculture can be sustainable. The research programme will have significant indirect importance in the transfer of up-to-date knowledge in educational processes at professional, undergraduate and postgraduate levels. This is extremely important, since only thus can we produce competitive personnel able to transfer the knowledge gained to the economy and thus contribute to creating added value.

10. Zaključena mentorstva članov programske skupine pri vzgoji kadrov v obdobju 1.1.2009-31.12.2014¹¹

10.1. Diplome¹²

vrsta usposabljanja	število diplom
bolonjski program - I. stopnja	45
bolonjski program - II. stopnja	2
univerzitetni (stari) program	52

10.2. Magisterij znanosti in doktorat znanosti¹³

Šifra raziskovalca	Ime in priimek	Mag.	Dr.	MR	
29417	Petra Oražem	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input type="checkbox"/>	
30709	Maja Vogrinčič	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input type="checkbox"/>	
29471	Olja Bregar	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input type="checkbox"/>	
27538	Pablo Hirschegger	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input type="checkbox"/>	
25507	Monika Cvetkov	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input type="checkbox"/>	
26537	Stanislav Mandelc	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input type="checkbox"/>	
24413	Jana Murovec	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input type="checkbox"/>	
28498	Jana Zurc	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input type="checkbox"/>	
30862	Tjaša Rešetič	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input type="checkbox"/>	
31371	Helena Lesar	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input type="checkbox"/>	
28496	Tjaša Gril	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input type="checkbox"/>	
26070	Kristjan Jarni	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input type="checkbox"/>	
0	Ačimovič Jure	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input type="checkbox"/>	
0	Tomić Lidija	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input type="checkbox"/>	
0	Črne-Hladnik Helena	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input type="checkbox"/>	
0	Tomić Lidija	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="checkbox"/>	
0	Peternelj Maja	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="checkbox"/>	
0	Ferenčak Boštjan	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="checkbox"/>	

Legenda:

Mag. - Znanstveni magisterij

Dr. - Doktorat znanosti

MR - mladi raziskovalec

11. Pretok mladih raziskovalcev – zaposlitev po zaključenem usposabljanju¹⁴

Šifra raziskovalca	Ime in priimek	Mag.	Dr.	Zaposlitev
29471	Olja Bregar	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	C - Gospodarstvo
31371	Helena Lesar	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	B - Družbene dejavnosti
26537	Stanislav Mandelc	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	C - Gospodarstvo
27538	Pablo Hirschegger	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	C - Gospodarstvo
24413	Jana Murovec	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	D - Javni zavod
30709	Maja Vogrinčič	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	F - Drugo
29417	Petra Oražem	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	C - Gospodarstvo
30862	Tjaša Rešetič	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	F - Drugo
25507	Monika Cvetkov	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	B - Družbene dejavnosti
28496	Tjaša Gril	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	E - Tujina
28498	Jana Zurc	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	B - Družbene dejavnosti
26070	Kristjan Jarni	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	D - Javni zavod

Legenda zaposlitev:

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

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

Šifra raziskovalca	Ime in priimek	Sodelovanje v programski skupini	Število mesecev
0	Tomić Lidija	C - študent – doktorand	12
0	Dervishi Aida	C - študent – doktorand	6

Legenda sodelovanja v programski skupini:

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

13. Vključevanje v raziskovalne programe Evropske unije in v druge mednarodne raziskovalne in razvojne programe ter drugo mednarodno sodelovanje v obdobju 1.1.2009-31.12.2014¹⁵

SLO

ID10561, 7. Okvirni program EU, SEE.ERA.NET: The use of SNPs and SSRs in order to reveal genetic diversity within cultivated olive germplasm from western Balkan countries, 2008-2009, nosilka Branka Javornik

ERA 155/01, 7. Okvirni program EU, SEEERA.NET PLUS: Towards the preservation of autochthonous grapevine (*Vitis vinifera* L.) varieties in west Balkan countries.

(VitisWBC),
2010-2012, koordinatorica: Branka Javornik

COSTFA0603: Plant proteomics in Europe (2007-2011), nosilka Branka Javornik

BIFR/0910INRA001 (2009-2010) med Slovenijo in Francijo: Sodobni pristopi za študije genetskih virov mediteranskih sadnih vrst: molekulska karakterizacija in filogeografija francoskih in slovenskih fig (*Ficus carica* L.). Nosilec: Jernej Jakše

BIFR/0809PROTEUS00 6 (2 0 0 8- 20 0 9) me Slovenijo in Francijo: Razvoj genskih mikrosatelitnih markerjev pri hmelju (*Humulus lupulus* L.) za podporo študijam primerjalne genomike. Nosilec: Jernej Jakše

BIBA/1011018 (2010-2011) med Slovenijo in Bosno in Hercegovino: Zbiranje genetskih podatkov avtohtonih sort vinske trte (*Vitis vinifera* L.) kot podpora nacionalni zbirki vinskih trt. Nosilka: Branka Javornik

BIMK/101104 (2010-2011) med Slovenijo in Makedonijo: Genetska variabilnost klonov sorte vinske trte Afus Ali (*Vitis vinifera* cv. Afus Ali). Nosilka: Branka Javornik

BIAL/101108 (2010-2011) med Slovenijo in Albanijo: Genotypic characterization of Albanian autochthonous olives (*Olea europea* L.) by molecular markers. Nosilka: Branka Javornik

BIUS/0912033 (2009-2013) med Slovenijo in Združenimi državami Amerike: Genska transformacija modelne rastline *Mimulus aurantiacus* za preverjanje kandidatnih genov vključenih v biosintezo flavonoidov. Nosilec: Borut Bohanec

BIHR/121300 8 (2012-2013) med Slovenijo in Hrvaško: Kemotaksonomska karakterizacija endemičnih rastlinskih vrst v Sloveniji in Hrvaški. Nosilka: Andreja Čerenak

BIUS/1213047 (2012-2013) med Slovenijo in Združenimi državami Amerike: Uporaba različnih metod za zgodnjo določitev lastnosti križancev hmelja v procesu žlahtnjenja. Koordinacija: IHPS

Center za sušni management za Jugovzhodno Evropo (www.dmcsee.eu) (04/200903/2012). Koordinacija: IHPS

Vseživljenjsko izobraževanja v hmeljarstvu – LdV Hop School (11/2010 – 10/2012). Koordinacija IHPS

Mikropivovarne – program izobraževanja – LdV Beer School (2013-2015). Koordinacija IHPS

Sodelovanje BF in IHPS (Jakše J., Čerenak A., Javornik B.) v mednarodnem konzorciju na področju raziskav hmelja pri razvoju novih molekularnih markerjev (DaRT) za namene genotipizacije in kartiranja genoma hmelja. V konzorciju sodelujejo poleg Slovenije še ZDA, Anglija, Nova Zelandija in Avstralija.

Sodelovanje IHPS (Radišek S.) in BF (Jakše J., Javornik B.) s Hmeljarskim inštitutom Hull, Nemčija (Seefelder S.) na področju testiranja hmeljeve uvelosti in določevanja virulence *Verticillium albo-atrum*.

Sodelovanje IHPS (Radišek S.) in BF (Jakše J., Javornik B.) z Laboratorijem za molekularno biologijo rastlin Češke Akdemije Znanosti (prof. Matousek J.) p r i

proučevanju viroidov hmelja.

Sodelovanje BF (Bohanec B.) in USDA ARS Vegetable Crops Unit, Department of Horticulture, University of Wisconsin (prof. Havey M.) pri kartiranju genoma čebule.

Sodelovanje BF (B. Bohanec) z Inštitutom za biološka istraživanja Siniša Stanković, Beograd pri razvoju metod rastlinskih tkivnih kultur in stabilnosti genoma.

14. Vključenost v projekte za uporabnike, ki so v obdobju trajanja raziskovalnega programa (1.1.2009–31.12.2014) potekali izven financiranja ARRS¹⁶

SLO

Andreja Čerenak:

–koordinira in vodi program žlahtnjenja hmelja v RS, financiran s strani Ministrstva za kmetijstvo in okolje (MKO) in več let tudi neposrednih uporabnikov – hmeljarjev.
- vodi strokovne naloge s področja varstva in registracije sort rastlin in semenarstva za leto (Naročnik MKO, Uprava RS za veterino, varno hrano in varstvo rastlin URSVVHS)
- vodi strokovno nalogo posebno preizkušanje sort hmelja (Naročnik MKO) in vodi javno službo Slovenska rastlinska genska banka hmelj (Naročnik MKO)

Sebastjan Radišek:

- vodi strokovne naloge s področja zdravstvenega varstva rastlin (Naročnik MKO, URSVVHS)
- vodi naloge s področja varstva in registracije sort rastlin in semenarstva (Naročnik MKO, Uprava RS za veterino, varno hrano in varstvo rastlin)
- vodi strokovno nalogo »Program tehnologije in pridelave hmelja v letih 2009-2014 (Naročnik MKO)
- sodeluje pri strokovni nalogi »Žlahtnjenje hmelja « (Naročnik MKO)
- vodi biološka preizkušanja FFS (Naročnik: Fitofarmaceutvska podjetja)

Borut Bohanec:

- vodi 'Študije mikropropagacije česna izbranih žlahtniteljskih linij' v sodelovanju s Semenarno Ljubljana (Namen dela je vzpostavitev postopka mikropropagacije dveh avtohtonih sort česna, ki naj privede do ustreznega načina klonskega razmnoževanja matičnih linij z izboljšanim fitopatološkim statusom)

Zlata Luthar:

- koordinira Javno službo Slovenska rastlinska genska banka na Biotehniški fakulteti (Naročnik MKO)

Jure Čop:

- vodi javno službo Slovenska rastlinska genska banka trave in detelje (Naročnik MKO)

Slavko Mandelc in Branka Javornik:

- Izvajanje proteomskih analiz za Sandoz biofarmaceutiko (Lek)
- Nudenje strokovne pomoči pri vzpostavitvi proteomskega laboratorija in izobraževanju kadrov za Sandoz biofarmaceutiko (Lek)

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

SLO

Člani programske skupine so bili aktivno vključeni v proces vzgoje novih sort hmelja. Glavnina dela je potekala na Inštitutu za hmeljarstvo in pivovarstvo Slovenije,

znanstveno pridobljena znanja v okviru programske skupine so se implementirala v prakso. Za določanje moškega spola hmelja je že v uporabi več označevalcev, ki so rezultat dela članov programske skupine in ki jih bomo v nadaljevanju programa združili (multiplex PCR). V razvoju je določitev nadaljnjih molekularskih označevalcev, povezanih z geni vključenimi v biosintezo alfa kislin (VPS gen) kot eno izmed najpomembnejših lastnosti kakovosti hmelja in z določitvijo genov odpornosti na verticilijsko uvelost hmelja (Ve gen) kot najpomembnejše bolezni v pridelavi hmelja. Vpisani sorti hmelja – Styrian Gold in Styrian Eureka spadata v ločena tipa sort hmelja, saj je prva finoaromatična in druga grenična sorta in tako pokrivata obe najpomembnejši skupini uporabe hmelja v pivovarski industriji. Obe sorti hmelja izkazujeta odpornost na verticilijsko uvelost hmelja in sta primerni za sajenje na okužena hmeljišča po opravljeni karantenski premeni, za kar zaradi njihove občutljivosti ni primerna nobena izmed ostalih slovenskih sort hmelja. Glede na to je zanimanje za sadilni material obeh sort strani hmeljarjev precejšnje, kar se kaže v povečanju sajenja obeh sort hmelja za pridelavo. Prve količine pridelka so bile že v preteklih letih na mednarodnem trgu in pivovarska industrija ju je dobro sprejela.

Del programske skupine pod vodstvom prof. dr. Boruta Bohanca je v preteklih letih dolgoročno razvijal biotehnoške postopke namenjene žlahtnjenju rastlin. Precejše poudarek je bil zlasti na novih metodah pridobivanja čistih linij s pomočjo indukcije haploidov. V tem sklopu smo najintenzivneje delali zlasti na treh vrstah in sicer zelju, čebuli in oljnih bučah. Vrste smo izbrali glede na potrebnost tovrstnih sort v slovenskem kmetijstvu. Aplikacija razvitih metod je zahtevna in potrebuje obsežno razvojno delo. Kar se tiče zelja smo tako razvojno delo do sedaj izvajali v zelo omejenem obsegu v obliki CRP projektov, ki pa so se že pred 3 leti iztekli. V letu 2014 prvič prihaja šele do podpisa strokovne naloge, katere del bo žlahtnjenje hibridnih sort zelja. Že pridobljene in testirane linije in F1 hibridi bodo osnova za delo, katerega rezultat upamo da bodo v relativno kratkem času prve slovenske hibridne sorte zelja, potrebne zlasti za pridelavo tradicionalno uveljavljenih sortnih tipov zelja. Postopke pridobivanja haploidnih linij čebule smo predali podjetju Semenerna d.d., ki je del tovrstnega dela tudi ob naši pomoči tudi izvedla. Postopke pridobivanja haploidnih linij pri oljnih bučah še razvijamo, od uspeha tega dela pa bo v mnogočem odvisna nadaljna usmeritev naši h žlahtniteljskih prizadevanj na tem področju. Vzporedno razvijamo še metode izboljšave odpornosti na fuzarioze. V stiku smo tudi s podjetji v Sloveniji in tujini, ki tovrstne rezultate potrebujejo.

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

možnost ustanovitve spin-off podjetja	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
potrebni finančni vložek	EUR
ocena potrebne infrastrukture in opreme ¹⁸	

17. Izjemni dosežek v letu 2014¹⁹

17.1. Izjemni znanstveni dosežek

Identifikacija kvantitativnih lokusov pri hmelju (TAG, 2013, 126:1431)

Verticilijska uvelost (VW) lahko povzroči veliko škodo pridelku hmelja, posebno ob prisotnosti letalne oblike glive *Verticillium albo-atrum*. Da bi pojasnili genetsko kontrolo VW

odpornosti pri hmelju smo analizirali F1 družino potomcev, ki so izvirali iz križanja kultivarja Wye Target z znano genetsko osnovo odpornosti in občutljive moške linije BL2/1. Razvili smo genetsko karto na osnovi 203 različnih tipov markerjev z uporabo strategije psevdotestnega križanja. Potomce smo okarakterizirali fenotipsko glede na razvoj simptomov bolezni in izvedli QTL kartiranje. Odkrili smo signifikanten QTL za odpornost na VW ki pojasnjuje 24.2 do 26.0 % fenotipske variabilnosti in je prvi odkriti QTL povezan z odpornostjo na VW pri hmelju. Pričujoče delo je osnova za razvoj markerjev uporabnih v žlahtnjenju hmelja. Delo je objavljeno v reviji z najvišjim IF področja.

17.2. Izjemni družbeno-ekonomski dosežek

Novo sorte hmelja in pšenice vzgojene v Sloveniji (Sortna lista R Slovenije, MKGP)

Člani programske skupine so aktivno vključeni v proces vzgoje novih sort kmetijskih rastlin. V zadnjih letih so registrirali 5 novih sort, in sicer 2 sorti hmelja in 3 sorte pšenice. Člani skupine so na ta način svoje znanstveno znanje o lastnostih rastlin in njihovi genetiki prenesli na aplikativen nivo. V primeru hmelja sta bili registrirani 2 sorti (finoaromatična in grenčična) z izkazano bistveno višjo odpornostjo na bolezen, zlasti na letalno obliko verticilijske uvelosti hmelja, kar bo omogočalo večjo stabilnost slovenske proizvodnje hmelja. Prav tako so vse 3 nove sorte pšenice žlahtnjene na boljše kakovostne parametre in večjo prilagodljivost na spremenjene klimatske razmere. Vseh 5 sort je že v pridelavi. Novi sorti hmelja zaključujeta postopek patentne zaščite na Uradu skupnosti za sorte Evropske unije, v Angersu, Francija.

C. IZJAVE

Podpisani izjavljam/o, da:

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

Podpisi:

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

in

vodja raziskovalnega programa:

Univerza v Ljubljani, Biotehniška
fakulteta

Branka Javornik

ŽIG

Kraj in datum:

Ljubljana

15.3.2015

Oznaka poročila: ARRS-RPROG-ZP-2015/174

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

⁹ Največ 4.000 znakov vključno s presledki (približno 2/3 strani, velikost pisave 11). [Nazaj](#)

¹⁰ Največ 4.000 znakov vključno s presledki (približno 2/3 strani, velikost pisave 11). [Nazaj](#)

¹¹ Upoštevajo se le tiste diplome, magisteriji znanosti in doktorati znanosti (zaključene/i v obdobju 1.1.2009–31.12.2014), pri katerih so kot mentorji sodelovali člani programske skupine. [Nazaj](#)

¹² Vpišite število opravljenih diplom v času izvajanja raziskovalnega programa glede na vrsto usposabljanja. [Nazaj](#)

¹³ Vpišite šifro raziskovalca in/ali ime in priimek osebe, ki je v času izvajanja raziskovalnega programa pridobila naziv magister znanosti in/ali doktor znanosti ter označite doseženo izobrazbo. V primeru, da se je oseba usposabljala po programu Mladi raziskovalci, označite "MR". [Nazaj](#)

¹⁴ Za mlade raziskovalce, ki ste jih navedli v tabeli 11.2. točke (usposabljanje so uspešno zaključili v obdobju od 1.1.2009 do 31.12.2014), izberite oz. označite, kje so se zaposlili po zaključenem usposabljanju. [Nazaj](#)

¹⁵ Navedite naslove projektov in ime člana programske skupine, ki je bil vodja/koordinator navedenega projekta. Največ 6.000 znakov vključno s presledki (približno ena stran, velikosti pisave 11). [Nazaj](#)

¹⁶ Navedite naslove projektov, ki ne sodijo v okvir financiranja ARRS (npr: industrijski projekti, projekti za druge naročnike, državno upravo, občine idr.) in ime člana programske skupine, ki je bil vodja/koordinator navedenega projekta. Največ 6.000 znakov vključno s presledki (približno ena stran, velikosti pisave 11). [Nazaj](#)

¹⁷ Opišite možnosti za uporabo rezultatov v praksi. Opišite izdelke oziroma tehnologijo in potencialne trge oziroma tržne niše, v katere sodijo. Ocenite dodano vrednost izdelkov, katerih osnova je znanje, razvito v okviru programa oziroma dodano vrednost na zaposlenega, če jo je mogoče oceniti (npr. v primerih, ko je rezultat izboljšava obstoječih tehnologij oziroma izdelkov). Največ 3.000 znakov vključno s presledki (približno pol strani, velikosti pisave 11). [Nazaj](#)

¹⁸ Največ 1.000 znakov vključno s presledki (približno 1/6 strani, velikost pisave 11) [Nazaj](#)

¹⁹ Navedite en izjemni znanstveni dosežek in/ali en izjemni družbeno-ekonomski dosežek raziskovalnega programa v letu 2014 (največ 1000 znakov, vključno s presledki, velikost pisave 11). Za dosežek pripravite diapozitiv, ki vsebuje sliko ali drugo slikovno gradivo v zvezi z izjemnim dosežkom (velikost pisave najmanj 16, približno pol strani) in opis izjemnega dosežka (velikost pisave 12, približno pol strani). Diapozitiv/-a priložite kot 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/analyze/dosez/>. [Nazaj](#)

Obrazec: ARRS-RPROG-ZP/2015 v1.00b
54-92-32-FD-DF-5E-28-4B-67-17-6A-A7-B7-5F-BE-81-DA-4D-B3-59