

Oznaka poročila: ARRS-RPROJ-ZP-2014/107



ZAKLJUČNO POROČILO RAZISKOVALNEGA PROJEKTA

A. PODATKI O RAZISKOVALNEM PROJEKTU

1. Osnovni podatki o raziskovalnem projektu

Šifra projekta	Z1-4133
Naslov projekta	Analiza metaboloma krompirja okuženega z milim in agresivnim različkom krompirjevega virusa Y za izboljšanje razumevanja bolezni
Vodja projekta	25523 Polona Kogovšek
Tip projekta	Z Podoktorski projekt
Obseg raziskovalnih ur	3400
Cenovni razred	A
Trajanje projekta	09.2011 - 08.2013
Nosilna raziskovalna organizacija	481 Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta
Raziskovalne organizacije - soizvajalke	
Raziskovalno področje po šifrantu ARRS	1 NARAVOSLOVJE 1.03 Biologija 1.03.04 Rastlinska fiziologija
Družbeno-ekonomski cilj	13.01 Naravoslovne vede - RiR financiran iz drugih virov (ne iz SUF)
Raziskovalno področje po šifrantu FOS	1 Naravoslovne vede 1.06 Biologija

B. REZULTATI IN DOSEŽKI RAZISKOVALNEGA PROJEKTA

2. Povzetek raziskovalnega projekta¹

SLO

Krompir (*Solanum tuberosum*) predstavlja eno izmed najpomembnejših poljščin v Sloveniji in v svetu. Vendar pa se gojenje in pridelava krompirja sooča z vedno novimi izzivi. Bolezni krompirja predstavljajo velik problem pri proizvodnji tako semenskega kot jedilnega krompirja. Zelo velik vpliv na proizvodnjo krompirja in njegovo kakovost ima krompirjev virus Y (Potato virus Y, PVY), ki lahko tudi do 100-odstotno zmanjša količino pridelka. Različek virusa PVY, PVY^{NTN}, povzroča izredno huda bolezenska znamenja na

rastlinah krompirja občutljivih sort. Na gomoljih krompirja sproži nastanek nekrotičnih obročkov. Vendar pa nekateri različki virusa PVY, kot je PVY^N, ne povzročajo tako uničujočih posledic na pridelku.

V podoktorskem projektu smo z GC-MS analizirali metabolom rastlin krompirja po okužbi z dvema različno agresivnima različkoma virusa PVY. Nadalje smo s PCR v realnem času preverili izražanje genov, ki kodirajo ključne encime v presnovi metabolitov, ki so se izkazali kot pomembni v odgovoru rastline na okužbo. Rezultati opravljenih analiz so pokazali povečanje količine metabolitov povezanih s primarnim metabolizmom, ciklom citronske kisline (TCA cycle) in potjo GABA, fenilpropanoidne poti in povezanih z redox mehanizmom. Povečanje količine metabolitov je bilo zaznано v času po inokulaciji s PVY^{NTN} in PVY^N relativno na odgovor slepo inokuliranih rastlin. Bolj izrazito povečanje količine metabolitov je bilo izmerjeno v rastlinah okuženih z agresivnejšim različkom PVY^{NTN} kot v rastlinah okuženih z milejšim PVY^N. Podobno smo tudi na transkriptomskem nivoju opazili spremembe v izražanju genov povezanih z metabolizmom ogljikovih hidratov, fenilpropanoidno potjo in potjo GABA v rastlinah inokuliranih z virusnima različkoma relativno na slepo inokulirane rastline.

Z analizo metaboloma smo napravili korak bližje k razumevanju odgovora rastlin na posamezen različek virusa in s tem razvoja bolezenskih znamenj. Povezovanje rezultatov različnih omskih pristopov je ena od nalog systemske biologije in tako omogoča celosten vpogled v dogajanje v rastlini. S povezovanjem rezultatov transkriptomike in metabolomike smo kritično ovrednotili tudi predhodne rezultate transkriptomike in s tem olajšali njihovo interpretacijo.

Endofitni in epifitni mikroorganizmi imajo pomembno vlogo pri fiziološkem stanju rastline in njenem odgovoru na virusno okužbo. Z analizo bakterij in gliv na površini in v notranjosti krompirjevih listov smo določili bakterijo *Microbacterium testaceum*, ki se je nahajala v rastlinah gojenih v tkivni kulturi okuženih s virusom krompirja Y. Analiza metagenoma krompirja pa je razkrila veliko pestrost združbe bakterij in gliv na/v rastlinah krompirja. Rezultati so tudi pokazali veliko vlogo okolja, kjer rastline rastejo, na sestavo mikrobne združbe krompirja.

ANG

Potato (*Solanum tuberosum*) is one of the most important species in Slovenia and in the world. However, potato growing and producing is facing with new challenges. Potato diseases represent a major problem in the production of both seed and edible potato. Great impact on potato production and its quality has Potato virus Y (PVY), which can reduce up to 100-percent crop yields. PVY isolate, PVY^{NTN}, is causing extremely severe symptoms in susceptible potato cultivars. On potato tubers it causes the formation of necrotic rings. However, some PVY isolates, as PVY^N, do not cause such devastating effects on crops.

Within the postdoctoral project we analysed the metabolome of the potato after infection with two differently aggressive PVY isolates using GC-MS. Furthermore, we examined the expression of genes that encoded the key enzymes in the metabolism of metabolites, which proved important in plant response to infection, using qPCR. Our results showed that the concentration of metabolites from primary metabolism, TCA cycle/GABA shunt, phenylpropanoid pathway and antioxidant metabolism increased in the course of the disease development in plants inoculated with PVY^{NTN} and PVY^N isolates relative to mock inoculated plants. Higher amount of metabolites accumulated

in plants inoculated with PVYNTN than in plants inoculated with PVYN virus isolate. Transcriptome analysis showed differential expression of transcripts related to major CHO metabolism, phenylpropanoid pathway and GABA shunt in virus inoculated plants relative to mock inoculated plants.

By analyzing the metabolome we made a step closer to the understanding of the plant response to each virus isolate and the symptom development. Integrating the results of different omics approaches is one of the tasks of systems biology, thus giving a comprehensive insight into the plant metabolism. By combining the results of the transcriptomics and metabolomics we also critically evaluated our previous results of the transcriptomics and facilitated their interpretation.

Endophytic and epiphytic microorganisms have an important role in plant physiology and in plant response to virus infection. Analysis of the bacteria and fungi on and in the potato leaves enabled identification of the bacteria *Microbacterium testaceum*, which was present in presumably sterile plants grown in tissue culture. Analysis of the potato metagenome revealed high diversity in bacteria and fungi community on/in potato leaves. Environment was shown to marginally influence the structure of the microbial community.

3. Poročilo o realizaciji predloženega programa dela na raziskovalnem projektu²

Primerjava metod za razlikovanje različkov virusa krompirja Y:

Pri zasnovi projekta smo se najprej osredotočili na preverjanje metod za določanje in identifikacijo različkov virusa PVY. V sodelovanju s partnerji iz Francije (INRA) smo primerjali metodi RT-qPCR in SNaPshot, kjer smo želeli oceniti zmožnost posamezne metode da določi izolate PVY v prave skupine. Rezultate smo validirali z biološkimi testi na testnih rastlinah, testom ELISA in z *in silico* analizo. Primerjava je pokazala da metoda SNaPshot lahko razlikuje več izolatov kot RT-qPCR, vendar pa se je slednja metoda pokazala kot bolj zanesljiva pri določanju različkov PVY^{NTN} (Rupar M., Kogovšek P., Pompe Novak M., Gutierrez-Aguirre I., Delaunay A., Jacquot E., Ravnikar M. Assessment of SNaPshot and single step RT-qPCR methods for discriminating Potato virus Y (PVY) subgroups. Journal of virological methods, 2013, 189: 93-100). Za preverjanje okuženosti rastlin krompirja z različki PVY smo nadalje uporabljali metodo RT-qPCR.

Metabolom listov krompirja:

Namen raziskave je bil ugotoviti spremembe v metabolomu krompirja po okužbi z različkoma Krompirjevega virusa Y, kjer smo spremljali spremembe v sestavi in količini metabolitov vzporedno z analizo izražanja boleznih na rastlinah krompirja. V ta namen smo inokulirali rastline krompirja občutljive sorte Igor z virusnima različkoma PVY^{NTN} in PVY^N.

Za kontrolo smo rastline tudi slepo inokulirali s pufrom (kontrola vpliva inokulacije) in jih pustili nedotaknjene (zdrave rastline). Inokulirane in neinokulirane liste smo pobirali za nadaljnje analize v več časovnih točkah – 0, 1, 3 in 6 dni po inokulaciji. Opazovali smo razvoj bolezenskih znamenj in po pričakovanjih opazili nastanek močnih bolezenskih znamenj na rastlinah inokuliranih z agresivnim različkom PVY^{NTN}. 7 dni po inokulaciji so se na inokuliranih listih pojavile nekrotične in klorotične pike. Na listih inokuliranih z milejšim različkom, PVY^N, nismo opazili nobenih bolezenskih znamenj ali pa zelo blage nekrotične pike. Slepo inokulirane rastline in zdrave kontrolne rastline niso razvile

nobenih bolezenskih znamenj ali sprememb. Razvoj bolezenskih znamenj smo dokumentirali in ovrednotili. Ker so se rastline odzvale na inokulacijo po pričakovanjih smo jih uporabili za nadaljnje analize.

V vzporedni študiji, ki je potekala izven okvira tega podoktorskega projekta, smo ugotovili, da imajo rastline različno dinamiko odgovora na okužbo, kar pomeni da se posamične rastline v isti časovni točki različno odzivajo na okužbo. To smo pokazali s PCR v realnem času, kjer smo analizirali izražanje genov, ki so povezani z odgovorom na okužbo (npr. klorofil a-b vezavni protein, protein povezan s patogenostjo 1). Obenem smo preverili tudi količino virusa, ki se je med rastlinami razlikovala. Rezultate raziskave smo objavili v znanstvenem članku (Baebler Š., Stare K., Kovač M., Blejec A., Prezelj N., Stare T., Kogovšek P., Pompe Novak M., Rosahl S., Ravnikar M., Gruden K. Dynamics of responses in compatible potato - potato virus Y interaction are modulated by salicylic acid. PLoS one, 2011, 6: 1-12). Da bi zmanjšali vpliv biološke raznolikosti med rastlinami, smo tudi v študiji tega podoktorskega projekta analizirali izražanje izbranih genov s PCR v realnem času. Na osnovi pridobljenih rezultatov smo znotraj vsake časovne točke izbrali po 4 rastline, katerih izražanje genov je bilo najbolj podobno.

Izbrane vzorce smo uporabili za analizo metaboloma. Vzorcem smo najprej ekstrahirali polarne metabolite, ki smo jih nato uplinili s postopkom derivatizacije. Tako pripravljene vzorce so primerni za analizo metaboloma s plinskim kromatogramom vezanim z masnim spektrometrom (GC-MS). Postopek priprave vzorcev je potekal po protokolih in priporočilih prof. dr. Wolfram Weckwertha iz Univerze na Dunaju (Department of Molecular Systems Biology), kjer smo tudi analizirali metabolom.

Pri GC-MS analizi smo dobili kromatograme, ki smo jih nadalje analizirali v različnih programih. Najprej smo opravili postopek dekonvolucije v programu Amdis, kjer smo tudi natančneje analizirali posamezne vrhove kromatograma. Sestave posameznega vrha smo analizirali v programu Xcalibur, kjer smo jih tudi identificirali. Za identifikacijo posameznega vrha smo uporabili stroga merila, in pripisali vrh določenemu metabolitu le, če se je ujemal s knjižnico tako po retenzijskem času kot po m/z spektru. Za primerjavo spektrov smo uporabili knjižnici Fihnn NIST (Fisons, VB) in Golm Metabolite Database. Analizo smo zaključili v programu LCquan, kjer smo določili količino posameznega metabolita.

Razlike v prisotnosti in količini metabolitov smo ovrednotili v programih Excel (MS) in MeV (TIGR). Rezultate smo statistično ovrednotili s Studentovim t-testom in dvo-faktorskim testom ANOVA. Izrisali smo tudi PCA grafe. Pri analizi nas je zanimala razlika med količinami metabolitov v okuženih in zdravih rastlinah in kako se količina in sestava metabolomov spreminja po času. Zanimal nas je tudi odziv posamezne rastline na okužbo. Rezultati so pokazali, da so se rastline v začetni in končni točki poskusa (1. in 6. dan po inokulaciji) odzvale bolj homogeno, medtem ko je bil odgovor rastlin 3. dan po inokulaciji zelo različen. Rezultati so pokazali da se je odgovor rastlin na okužbo z virusnima različkoma spreminjal po času in da je količina metabolitov v povprečju narašča s časom po inokulaciji. Rastline so se na okužbo z virusnima različkoma PVY^{NTN} in PVY^N odzvale zelo podobno, vendar močnejše na okužbo z agresivnejšim PVY^{NTN}.

Podoben odgovor kot v spodnjih inokuliranih listih smo opazili tudi v zgornjih neinokuliranih listih. Razlika je bila predvsem v številu metabolitov, ki so se statistično značilno spremenili, kjer jih je bilo v zgornjih listih manj.

Pripravili smo seznam metabolitov, ki smo jih zaznali s GS-MS v rastlinah krompirja. Pri pripravi smo sledili priporočilom skupine raziskovalcev, ki je pripravila standard za objavo podatkov v javno dostopnih bazah (Metabolomics Standards Initiative, MSI).

Natančno smo preučili vire, ki opisujejo interakcijo med krompirjem in PVY in na osnovi osvojenega znanja in izkušenj metabolite nadalje uvrstili v metabolne poti.

Transkriptomska analiza izbranih genov:

Za natančnejši vpogled v odziv rastline na inokulacijo smo analizirali izražanje genov za ključne encime v metabolnih poteh primarnega metabolizma, redox regulacije, fenilpropanoidne poti in poti GABA. Tako smo izbrali 4 gene povezane z metabolizmom ogljikovih hidratov, 3 gene povezane s potjo GABA in 3 gene povezane s fenilpropanoidno potjo. Za vsak izbran gen smo oblikovali oligonukleotidne začetnike in njegovo izražanje analizirali s PCR v realnem času (qPCR). Rezultate izražanja posameznega gena smo normalizirali na izražanje dveh referenčnih genov. Relativno izražanje posameznega gena v različnih vzorcih smo statistično ovrednotili s Studentovim t-testom.

Rezultati transkriptomske analize so pokazali spremembe v izražanju genov v odvisnosti od virusnega različka in časa po inokulaciji. Največje spremembe v izražanju genov povezanih s metabolizmom ogljikovih hidratov in s potjo GABA, in sicer 6 dpi. Podobno kot pri metabolomski analizi, smo tudi pri transkriptomski analizi opazili povečanje izražanje genov skozi čas. Ravno tako je izražanje genov pri enako tretiranih rastlinah bolj homogeno pri 1 in 6 dpi kot pri 3 dpi.

Povezovanje rezultatov in vizualizacija:

Rezultate izražanja genov smo združili z rezultati analize metabolitov in pripravili shemo v programu MapMan, kjer smo tako lahko simultano opazovali spremembe na metabolomskem in transkriptomskem nivoju v obliki metabolnih poti.

Rezultate smo interpretirali in povezali z rezultati prejšnjih analiz. Iz dobljenih rezultatov pripravljamo znanstveni članek (Kogovšek P., Pompe Novak M., Prezelj N., Petek M., Fragner L., Weckwerth W., Ravnikar M., Gruden K. Primary metabolites, phenylpropanoids and antioxidants in response of potato to inoculation with Potato virus Y isolates), katerega objavo pričakujemo v letošnjem letu.

Analiza mikrobne združbe listov krompirja:

Vpliv virusne okužbe in odgovora rastline na sestavo mikrozdružbe na listni površini smo preverili s klasičnimi metodami gojenja mikroorganizmov in s klasičnim sekvenciranjem (po Sangerju) in sekvenciranjem nove generacije (next generation sequencing, NGS).

Analiza mikrobne združbe v/na listih krompirja je predstavljala poseben izziv, saj lahko znotraj ali med celicami lista in na površini lista dobimo različne mikroorganizme, tako glive kot bakterije. Za boljše razumevanje problematike in vzpostavitev novih vezi s strokovnjaki na tem področju smo se vključili v evropsko združenje COST FA1103, kjer so povezani evropski znanstveniki s področja preučevanja endofitnih mikroorganizmov. Preučili smo literaturo, ki se nanaša na analizo mikrobne združbe tako na površini listov, kot v njihovi notranjosti in v okviru raziskovalne skupine pripravili plan analize mikrobne združbe na listih krompirja in ga tudi predstavili na sestanku združenja COST: Current

aspects of european endophyte research (Reims, Francija).

Kot prvo analizo mikrobne združbe krompirja smo izbrali klasično gojenje na gojiščih. Z listne površine smo ločeno izolirali mikroorganizme, ki so prisotni na površini in mikroorganizme, ki se nahajajo v notranjosti lista krompirja. S sekvenciranjem po Sangerju smo določili prisotnost bakterije *Microbacterium testaceum*, ki je bila prisotna v notranjosti listov rastlin krompirja, ki so rastle v sterilnem okolju, t.j. v tkivni kulturi. Zanimivo je to, da so bile te bakterije prisotne samo v rastlinah, ki so bile okužene s virusom krompirja Y, ne pa v zdravih rastlinah. *M. testaceum* ima vlogo pri zaščiti rastlin pred patogenimi bakterijami, saj s svojo encimsko aktivnostjo onemogoči komunikacijo med bakterijami in posledično rast v združbi.

Ker je izredno nizek delež bakterij in gliv lahko raste na gojišču, smo mikrobno združbo analizirali še s pristopom analize celotnega metagenoma. Preučili smo literaturo in izbrali primerje, ki učinkovito pomnožijo ohranjene regije genoma pri najširšem spektru bakterij in gliv. Da bi se izognili pomnoževanju in s tem sekvenciranju rastlinskega genoma, smo za analizo bakterijske populacije izbrali 2 seta primerjev, medtem ko smo za analizo glivne populacije izbrali en set primerjev. Metagenom smo analizirali v rastlinah, okuženih z virusom krompirja Y in slepo inokuliranih rastlinah, ki so rastle v dveh ločenih rastnih komorah. Kot kontrolo smo uporabili zdrave rastline in rastline iz tkivne kulture. Za analizo metagenoma smo uporabili Roche GS Junior platformo.

Z NGS smo pridobili 4000-8000 odčitkov s povprečno dolžino 500 bp. Ker analiza podatkov NGS predstavlja velik izziv, sem se udeležila delavnice Metagenomics: Managing, Analysing and Visualising Data Course, organizirane na EMBL-EBI (Hinxton, VB), kjer so bili predstavljeni osnovni pristopi k analizi metagenomskih podatkov. Za analizo podatkov smo izbrali program Qiime.

Rezultati NGS so pokazali neustreznost enega seta primerjev, saj so ti pomnožili skoraj izključno rastlinsko DNA. Drugi set primerjev pa je bil specifičen za bakterije in je pomnožil dele DNA več kot 800 različnih bakterijskih taksonomskih enot (operational taxonomic units, OTU). Set primerjev za določanje gliv je bil ravno tako specifičen in je pomnožil več kot 300 glivnih OTU-jev.

Rezultati so pokazali veliko variabilnost v metagenomu med rastlinami, ki so rastle v različnih rastnih komorah, ne pa tako velike razlike med različno tretiranimi rastlinami. Izjema je bil metagenom rastline iz tkivne kulture, kjer smo po pričakovanjih dobili izredno nizko število OTU-jev. Na osnovi rezultatov smo zaključili, da je pri načrtovanju poskusov metagenomike potrebno skrbno preučiti okolje v katerem rastejo rastline in ga je potrebno upoštevati pri sami analizi. Potrebno je razviti način priprave okoljskega vzorca, ki bi služil kot kontrola.

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

Glede na časovni shemo, ki smo jo predvideli v prijavi projekta, smo opravili vse planirano raziskovalno delo. Pripravili smo biološki material, naredili preliminarne analize izražanja genov in analizirali metabolom rastlin krompirja. Analizirali smo metabolomske podatke, ki so nam služili za zasnovo analize transkriptoma. Po analizi rezultatov transcriptomike smo podatke združili in vizualizirali v programu MapMan. Vzoredno je potekala analiza mikrobne združbe na in v listih krompirja.

Pravočasno smo izpolnili obveznosti za vse mejnike. Obveznosti planirane do 18 meseca so

opisane v vmesnih poročilih. V zadnjih 6 mesecih projekta smo zaključili z obdelavo podatkov transkriptomike in zaključili analize mikrobne združbe na listni površini. Rezultate pridobljene z metabolomsko in transcriptomsko študijo smo povezali in vizualizirali. Interpretirali smo biološki pomen sprememb v rastlinah po inokulaciji z virusnima različkoma. Vse ugotovitve smo opisali v znanstvenemu članku, ki je trenutno v procesu pregledovanja in pričakujemo njegovo objavo v letošnjem letu. Vzporedno z objavo članka bomo v bazah podatkov objavili rezultate metabolomike, ki smo jih že pripravili v obliki zahtevani po standardu Metabolomics Standards Initiative (MSI).

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

V zadnjem letu izvajanja projekta ni prišlo do sprememb.

6. Najpomembnejši znanstveni rezultati projektne skupine⁵

Znanstveni dosežek			
1.	COBISS ID	2492751	Vir: COBISS.SI
	Naslov	<i>SLO</i> Preučevanje dinamike odgovora rastlin krompirja na okužbo s PVY.	
		<i>ANG</i> Dynamics of responses in compatible potato - potato virus Y interaction are modulated by salicylic acid	
	Opis	<i>SLO</i> Analizirali smo izražanje genov, ki so povezani z odgovorom na okužbo, in sicer smo s PCR v realnem času merili izražanje genov povezanih s fotosintezo, metabolizmom ogljikovih hidratov in obrambnih odgovorom. Merili smo tudi količino virusa v inokuliranih in neinokuliranih listih. Rezultati so pokazali, da se rastline različno odzivajo na okužbo in da lahko pričakujemo časovni zamik v odgovoru na nivoju izražanja genov. Pokazali smo tudi da je salicilna kislina ključna v obrambnem odgovoru rastline na okužbo in da pomanjkanje le te lahko vodi v razvoj bolezni.	
		<i>ANG</i> We analysed the expression of genes, connected to response to infection with real-time PCR. We analysed expression of genes related to photosynthesis, carbohydrates metabolism and defence response. We also measured the amount of the virus in inoculated and noninoculated leaves. The results showed, that the plants respond differently to the infection and that we can expect a time shift in the response on the level of gene expression. We also showed the salicylic acid plays a crucial role in plant response to infection and that the depletion in the salicylic acid leads to the development of severe disease.	
	Objavljeno v	Public Library of Science; PloS one; 2011; Vol. 6, issue 12; str. 1-12; Impact Factor: 4.092; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 2.096; A': 1; WoS: CU; Avtorji / Authors: Baebler Špela, Stare Katja, Kovač Maja, Blejec Andrej, Prezelj Nina, Stare Tjaša, Kogovšek Polona, Pompe Novak Maruša, Rosahl S., Ravnikar Maja, Gruden Kristina	
	Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek	
2.	COBISS ID	2462031	Vir: COBISS.SI
	Naslov	<i>SLO</i> Analiza sestave glivne združbe v različnih okoljih z različnimi ekstremnimi pogoji	
		<i>ANG</i> Unusual fungal niches	
	Opis	<i>SLO</i> Glive lahko najdemo v vseh aerobnih okoljih, kjer lahko naselijo različne površine in opravljajo različne funkcije, ki pa niso poznane. Veliko gliv je generalistov in se lahko pojavljajo v vseh okoljih, obstajajo pa tudi specialisti, ki so prisotni samo specifičnih okoljih. Nenavadna okolja za glive so habitati z ekstremnimi pogoji, ki naj bi preprečevali rast glivnih združb. Vendar pa so ravno v teh pogojih prisotne zelo pestre združbe gliv. Opisali	

		<p>smo sestavo glivnih združb v petih ekstremnih pogojih – Antarktične suhe doline, visoki Arktični ledeniki, soline in rastlinski trihomi. V rastlinskih trihomih smo tako našli več še ne opisanih skupin gliv. Z uporabo metod nove generacije sekveniranja lahko odkrivamo sestavo mikrobnih združb v različnih okoljih, vendar pa vloga gliv v teh ekstremnih pogojih še ni znana.</p>
	ANG	<p>Fungi can be found in all aerobic environments, where they can colonise various surfaces or habitats performing different functions, which are not completely understood. Lot of fungi are generalists, meaning they can be found in all habits, while other fungi are specialists present in restricted habitats. Unusual habitats for fungi are habitats with extreme conditions, which are expected to prevent development of mycobiota. Nevertheless, in extreme habitats, e.g. Antarctic dry valleys, high Arctic glaciers, salt flats and salterns, hypersaline microbial mats and plant trichomes, very reach mycobiota was found and described. In plant trichomes we found several new, not previously described, fungi groups. With the use of new generation sequencing methods we can reveal the composition of the mycobiota in various habitats, however the role of the fungi in the extreme habitats remains unclear.</p>
	Objavljeno v	New York Botanical Garden.; Mycologia; 2011; Vol. 103, no. 6; str. 1161-1174; Impact Factor: 2.031; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 2.308; WoS: RQ; Avtorji / Authors: Cantrell Sharon A., Dianese J. C., Fell J., Gunde-Cimerman Nina, Zalar Polona
	Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek
3.	COBISS ID	2514255 Vir: COBISS.SI
	Naslov	<p>SLO Razvoj metode za identifikaciji genov glive, ki imajo vlogo pri toleranci na povečano količino soli v okolju</p> <p>ANG Development of a method for identification of fungal genes, having role in tolerance to high salt concentrations</p>
	Opis	<p>SLO Razvili in uporabili smo novo metodo za funkcionalno analizo transkriptoma glive, ki omogoča določitev vloge končnega produkta izbranega gena. S to metodo lahko iščemo in določimo gene, ki imajo ključno vlogo za preživetje glive v stresnih okoljih. Metodo smo uporabili za preučevanje halotolerantnosti glive <i>Rhodotorula mucilaginosa</i> in določili ter podrobneje analizirali več genov, ki povečajo halotoleranco netolerantne kvasovke <i>Saccharomyces cerevisiae</i>.</p> <p>ANG Method for functional analysis of fungal transcriptome was developed and used. Method allows identification of the role of the final gene product in fungal metabolism. Using this method, genes having a key role in fungal survival in extreme environments can be identified. Method was used for analysis of halotolerance of fungi <i>Rhodotorula mucilaginosa</i> and for detailed analysis of several genes, improving halotolerance of non-tolerant yeast <i>Saccharomyces cerevisiae</i>.</p>
	Objavljeno v	Elsevier Applied Science; Bioresource technology; 2012; Vol. 111; str. 360-367; Impact Factor: 4.750; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 1.504; A": 1; A': 1; WoS: AE, DB, ID; Avtorji / Authors: Gostinčar Cene, Gunde-Cimerman Nina, Turk Martina
	Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek
4.	COBISS ID	2662735 Vir: COBISS.SI
	Naslov	<p>SLO Poglavlje o odgovoru rastlin krompirja na okužbo z virusom krompirja Y</p> <p>ANG Chapter on physiology of the potato-Potato virus Y interaction</p>
		<p>Krompirjev virus Y predstavlja drugi najpomembnejši patogeni mikroorganizem, ki omejuje proizvodnjo krompirja po vsem svetu, saj vsako leto drastično vpliva na količino in kakovost pridelka. Poznavanje fizioloških sprememb v rastlinah krompirja po okužbi s krompirjevim</p>

Opis	SLO	virusom Y pomaga pri vzgoji novih odpornih sort krompirja in pri splošnem razumevanju interakcije rastlin in patogenih mikroorganizmov. Preučili smo vso dostopno literaturo, ki opisuje interakcijo med krompirjem in krompirjevim virusom Y. Spoznanja in zaključke smo zbrali in opisali v poglavju Physiology of the Potato - Potato Virus Y Interaction, ki je objavljeno v knjigi Progress in Botany, založbe Springer.
	ANG	Potato virus Y presents the second most important microorganism, limiting potato production worldwide, since it causes drastic decreases in potato quality and quantity. Understanding of the physiological changes in potato infected with the PVY will contribute to easier development and breeding of resistant potato cultivars and to general understanding of the plant - pathogen interaction. We studied all available literature describing potato - PVY interaction. The gained knowledge and conclusions were compiled in a chapter published in Progress in Botany (Springer).
Objavljeno v	Springer; Progress in botany; 2013; Str. 101-133; Avtorji / Authors: Kogovšek Polona, Ravnikar Maja	
Tipologija	1.16 Samostojni znanstveni sestavek ali poglavje v monografski publikaciji	

7. Najpomembnejši družbeno-ekonomski rezultati projektne skupine⁶

Družbeno-ekonomski dosežek			
1.	COBISS ID	30822617	Vir: COBISS.SI
Naslov	SLO	Predstavitev dela na področju analize mikrobne združbe rastlin krompirja	
	ANG	Presentation of the work done on the analysis of the potato microbial community	
Opis	SLO	Eden izmed ekstremnih okolij, kjer lahko živijo tudi glive, je površina in notranost rastline. Za boljše razumevanje interakcije med rastlinami in glivami, ki živijo na listni površini ali med rastlinskimi celicami, smo se pridružili evropskemu združenju COST FA1103: Endofitni mikroorganizmi v biotehnologiji in kmetijstvu. Analiza in poznavanje mikrobne združbe v/na rastlinah pripomore k boljšemu razumevanju odnosa med rastlinami in njenimi kolonizatorji. S tem namenom smo analizirali mikrobno združbo listov krompirja s pristopi klasične mikrobiologije in najnovejše metodologije sekvenciranja nove generacije. To znanje bi lahko izkoristili pri iskanju alternativnih načinov zaščite rastlin pred patogenimi mikroorganizmi in pri iskanju alternativnih možnosti gnojenja. Uporaba naravnih produktov bo pripomoglo k zmanjšanju uporabe pesticidov in gnojil in s tem prispevalo k ekološko prijaznemu kmetijstvu, kar je prioriteta evropske skupnosti.	
	ANG	Interior of the plant cells and leaf surface is one of the extreme environments, where fungi can live. For better understanding of the relationship between the plant and fungi, we joined the European association COST FA1103: Endophytic microorganisms in biotechnology and agriculture. Analysis and identification of the microbial community in/on the plants allows better understanding of the relationship between plants and their colonisers. With this aim we analysed potato leaf microbiota, where we used two different approaches - classical growing on media and next generation sequencing technology. This knowledge can be used in search for alternative methods for plant protection against plant pathogens and pests and in search for alternative sources of fertilisation. Use of natural products will help to bring the use of pesticides and chemical fertilisers to a minimum and allow better and more ecological farming, which is the priority in European farming strategy.	
Šifra	F.02	Pridobitev novih znanstvenih spoznanj	

	Objavljeno v	Slovenian Biochemical Society; Book of abstracts; 2013; Str. 114; Avtorji / Authors: Kogovšek Polona, Pompe Novak Maruša, Prezelj Nina, Petek Marko, Fragner Lena, Weckwerth Wolfram, Zalar Polona, Gunde-Cimerman Nina, Gruden Kristina, Ravnihar Maja	
	Tipologija	1.12 Objavljeni povzetek znanstvenega prispevka na konferenci	
2.	COBISS ID	268457216	Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO	Mikrobiologija za znanje in napredek - 20 let univerzitetnega študija mikrobiologije
		ANG	Microbiology for Knowledge and Progress - 20 Years of University Study of Microbiology
	Opis	SLO	Knjiga povzema 20 let pedagoškega dela in raziskav na področju mikrobiologije v slovenskem prostoru. Urejena je v 7 poglavij, vsebuje 752 strani.
		ANG	The book summarizes 20 years of pedagogical work as well as research in the field of microbiology in Slovenia. It comprises of 7 chapters, contains 752 pages.
	Šifra	C.02 Uredništvo nacionalne monografije	
	Objavljeno v	Biotehniška fakulteta, Oddelek za živilstvo, Katedra za biotehnologijo, mikrobiologijo in varnost živil; 2013; XX, 752 str.; Avtorji / Authors: Raspor Peter, Avguštin Gorazd, Mandić-Mulec Ines, Marinšek-Logar Romana, Petrovec Miroslav, Sepčič Kristina, Stopar David, Stres Blaž, Zalar Polona, Žgur-Bertok Darja	
	Tipologija	2.02 Strokovna monografija	
3.	COBISS ID	29139417	Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO	Uredništvo Fungal Biology posebna številka "Black Fungi"
		ANG	Editor of Fungal Biology special issue "Black Fungi"
	Opis	SLO	Posebna številka ene najpomembnejših mikoloških revij Fungal Biology je bila namenjena predstavitvi glavnih dosežkov na področju črnih kvasovk. Prof. Gunde Cimermanova je bila sourednica posebne številke in soavtorica petih znanstvenih člankov objavljenih v tej reviji.
		ANG	Special issue of one of the most important mycological journals Fungal Biology was dedicated to present the major achievements on the field of black yeasts. Prof. Gunde Cimerman was one of the three coeditors of the special issue and coauthor of five scientific articles published in this issue.
	Šifra	C.03 Vabljeni urednik revije (guest-associated editor)	
	Objavljeno v	Elsevier; Fungal biology; 2011; Vol. 115, iss. 10; str. 935-936; Impact Factor: 1.429; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 2.308; WoS: RQ; Avtorji / Authors: Gunde-Cimerman Nina, Grube Martin	
	Tipologija	1.20 Predgovor, spremna beseda	

8. Drugi pomembni rezultati projektne skupine²

A: Pridružitvev evropskemu združenju COST FA1103: Endofitni mikroorganizmi v biotehnologiji in kmetijstvu. Endofitni mikroorganizmi imajo vedno večjo vlogo v iskanju trajnostne alternative sintetičnim pesticidom in antibiotikom, ki jih uporabljamo za kontrolo rastlinskih patogenih bakterij in gliv. Uporaba bakterijskega ali glivnega inokuluma za biognojilo, za zaščito pred stresom ali za omejevanje rasti patogenih mikroorganizmov bo pripomoglo k zmanjšanju uporabe pesticidov in gnojil in s tem prispevalo k evropskemu ekološko prijaznemu kmetijstvu.

B: Sodelavci projektne skupine so sodelovali pri treh projektih določanja genomskih zaporedij gliv, kar predstavlja prvo sekveniranje genoma katerekoli ekstremno halotolerantne ali halofilne

glive v svetovnem merilu in hkrati prve projekte sekveniranja evkariontskih genomov, ki jih vodijo raziskovalci iz Slovenije. Zbrani podatki bodo s pomočjo primerjalne genomike pomagali pri določevanju genov, vpletenih v toleranco na različne strese.

9. Pomen raziskovalnih rezultatov projektne skupine⁸

9.1. Pomen za razvoj znanosti⁹

SLO

Razumevanje interakcije med rastlino in povzročiteljem bolezni je z našimi raziskavami dobilo nove razsežnosti, saj so spremembe metaboloma rastline po okužbi najmanj raziskane, a hkrati izjemno pomemben nivo interakcije med rastlino in povzročiteljem bolezni.

V zadnjih dveh desetletjih je bilo pridobljenega veliko znanja o spremembah na transkriptomskem in proteomskem nivoju v rastlinah po okužbi, kar je pripomoglo k boljšemu razumevanju mehanizma interakcije med rastlino in povzročiteljem bolezni. Vendar pa vedenje o spremembah na nivoju ekspresije genov in sinteze proteinov ne pojasni popolnoma dejanskega stanja v rastlinski celici, saj količina metabolitov ni nujno sorazmerna z močjo izražanja genov in količino proteinov. Z analizo metaboloma smo tako bistveno pripomogli k zapolnjevanju vrzeli v znanju o interakciji med rastlino in povzročiteljem bolezni.

Rezultate metabolomskih raziskav smo nadgradili z analizo izražanja genov ključnih encimov s PCR v realnem času. Na ta način smo tudi ovrednotili korelacijo med izražanjem gena in njegovim končnim produktom. Slednje ima velik pomen pri biološki interpretaciji rezultatov, katera še vedno predstavlja velik izziv za raziskovalce.

Pričakujemo, da bodo izsledki naših raziskav znatno prispevali k razumevanju interakcije med rastlino in povzročiteljem bolezni in bodo vplivali tudi na razvoj biotehnoloških aplikacij.

Rezultate metabolomskih raziskav smo uporabili pri oblikovanju shem posameznih metabolnih poti, ki predstavljajo osnovne gradnike za celotno metabolno mrežo rastlin, kar bo nadalje prispevalo k razumevanju splošnega metabolizma rastlin in ne le sprememb v metabolizmu po virusni okužbi.

Hkrati smo vzpostavili eksperimentalni sistem, ki bo zajemal vse korake postopka analize; od priprave materiala, preko izvedbe laboratorijskega dela, do obdelave, vizualizacije in integracije podatkov. Sistem je enostavno prenosljiv na druge kombinacije rastlin in povzročiteljev bolezni in uporaba že izdelanega eksperimentalnega sistema bo omogočila nam in tudi drugim raziskovalcem lažje načrtovanje in izvedbo poskusov.

ANG

Understanding of the interactions between plant and pathogens got to a new extension, since the metabolom changes in plants after infection are at least surveyed, yet highly significant level of interaction between plant and pathogens.

In the last two decades there has been considerable knowledge gained on the changes in transcriptomic and proteomic level in plants after infection, contributing to a better understanding of the mechanism of interaction between plant and pathogens. However, knowledge about changes in the level of gene expression and protein synthesis does not explain fully the final state in the plant cell, as the quantity of metabolites is not necessarily proportional to the level of gene expression and protein quantity. By analyzing the metabolom we significantly contributed to filling the gaps in knowledge about the interaction between plant and pathogens.

Metabolomic results were upgraded by analysis of the expression of genes for key enzymes by real-time PCR. In this way, we also evaluated the correlation between gene expression and its final product. The latter is of great importance for the biological interpretation of the results, which still represents a major challenge for the researchers.

We assume that the findings of our research significantly contributed to the understanding of interactions between plant and pathogens and will in future influence the development of biotechnological applications.

Metabolomic results were used in the formulation of schemes for individual metabolic pathways, which will form the basic building blocks for the entire metabolic network of plants. The latter will contribute to the understanding of the general metabolism of plants, not only changes in metabolism after viral infection.

At the same time we established an experimental system that covers all steps of the analysis; from the material preparation, through the realization of laboratory work, to data analysis,

visualization and data integration. The system is easily transferable to other combinations of plants and pathogens, and application of an existing experimental system allows us and other researchers to facilitate the planning and realisation of the experiments.

9.2. Pomen za razvoj Slovenije¹⁰

SLO

Po količini pridelka je krompir v svetovnem merilu četrta najpomembnejša poljščina namenjena prehrani, takoj za rižem, pšenico in koruzo (<http://faostat.fao.org/>). Leta 2008 je več mednarodnih organizacij poudarilo pomen krompirja za svetovno proizvodnjo hrane, saj je izjemen v tem, da je njegova proizvodnja poceni in obilna, poleg tega pa je sposoben rasti na zelo različnih klimatskih pogojih in lokacijah. Zato so Združeni narodi razglasili leto 2008 kot mednarodno leto krompirja in tako poudarili pomen krompirja tudi za dežele v razvoju (<http://www.potato2008.org/en/world/index.html>).

Raziskave interakcije krompirja z virusom PVYNTN imajo velik družbeno ekonomski pomen tudi za Slovenijo, Evropo in svet. PVYNTN se je v zadnjem desetletju dvajsetega stoletja epidemično razširil po celi Evropi in svetu. Tako poročajo o pojavu bolezni PTNRD tudi v Severni Ameriki, Afriki in Aziji. Poleg tega pa se pojavljajo vedno novi, bolj agresivni različki virusa PVY, ki dodatno otežujejo zagotavljanje zdravega pridelka. Pridelovalci krompirja gojijo nove bolj odporne sorte, ki pa so zelo maloštevilne. Poznavanje poteka bolezni in odgovora rastlin na okužbo z virusom PVY bo pripomoglo k učinkovitejši vzgoji novih odpornih sort.

Najbolj učinkovita zaščita pred epidemijo bolezni je, poleg gojenja odpornih sort, aplikacija insekticidov, s katerimi zatirajo listne uši, ki prenašajo virus. Poznavanje poteka bolezni bo tako pripomoglo tudi k bolj smotrnemu, ekonomsko učinkovitejšemu kmetovanju in zmanjšanju uporabe dragih in hkrati okolju škodljivih fitofarmaceutskih sredstev. Ena izmed takih možnosti je uporaba endofitnih bakterij in/ali gliv, ki lahko zaščitijo rastline pred patogenimi mikroorganizmi in obenem omogočajo boljšo izrabo mineralov in drugih hranil.

ANG

Regarding the production, the potato is the world's fourth major crops intended for food, after rice, wheat and maize (<http://faostat.fao.org/>). In 2008, several international organizations emphasized the importance of potato for the global food production, since it is exceptional in that their production is cheap and plentiful and that it is capable to grow at very different climates and locations. Therefore, the United Nations has proclaimed year 2008 as international year of the potato and stress the importance of potato for developing countries (<http://www.potato2008.org/en/world/index.html>).

Research of the potato - PVYNTN virus interaction has a major socio-economic importance for Slovenia, Europe and world. In the last decade of the twentieth century PVYNTN virus epidemically spread across Europe and world. Scientists report of PTNRD disease outbreaks also in North America, Asia and Africa. Moreover, new and more aggressive PVY virus isolates are emerging which additionally hinder production of a healthy crop. Potato growers grow more resistant varieties, which are very few. Knowledge of the disease and the response of plants to PVY infection will contribute to more effective breeding of new resistant varieties.

The most effective protection against epidemic diseases, in addition to cultivation of resistant cultivars, is application of insecticides to suppress leaf aphids that transmit the virus.

Knowledge of the disease will also contribute to a more rational and economically efficient farming and to reduction of the use of expensive and also environmentally harmful plant protection products. One of the possibilities is use of endophytic bacteria and/or fungi, which can protect plants against pathogenic microorganisms and in meantime offer better use of minerals and other nutrients.

10. Samo za aplikativne projekte in podoktorske projekte iz gospodarstva!

Označite, katerega od navedenih ciljev ste si zastavili pri projektu, katere konkretne rezultate ste dosegli in v kakšni meri so doseženi rezultati uporabljeni

Cilj		
F.01	Pridobitev novih praktičnih znanj, informacij in veščin	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	

		<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.02	Pridobitev novih znanstvenih spoznanj	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.03	Večja usposobljenost raziskovalno-razvojnega osebja	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.04	Dvig tehnološke ravni	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.05	Sposobnost za začetek novega tehnološkega razvoja	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.06	Razvoj novega izdelka	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.07	Izboljšanje obstoječega izdelka	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.08	Razvoj in izdelava prototipa	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.09	Razvoj novega tehnološkega procesa oz. tehnologije	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.10	Izboljšanje obstoječega tehnološkega procesa oz. tehnologije	

	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.11	Razvoj nove storitve	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.12	Izboljšanje obstoječe storitve	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.13	Razvoj novih proizvodnih metod in instrumentov oz. proizvodnih procesov	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.14	Izboljšanje obstoječih proizvodnih metod in instrumentov oz. proizvodnih procesov	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.15	Razvoj novega informacijskega sistema/podatkovnih baz	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.16	Izboljšanje obstoječega informacijskega sistema/podatkovnih baz	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.17	Prenos obstoječih tehnologij, znanj, metod in postopkov v prakso	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.18	Posredovanje novih znanj neposrednim uporabnikom (seminarji, forumi, konference)	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>

	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.19	Znanje, ki vodi k ustanovitvi novega podjetja ("spin off")	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.20	Ustanovitev novega podjetja ("spin off")	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.21	Razvoj novih zdravstvenih/diagnostičnih metod/postopkov	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.22	Izboljšanje obstoječih zdravstvenih/diagnostičnih metod/postopkov	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.23	Razvoj novih sistemskih, normativnih, programskih in metodoloških rešitev	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.24	Izboljšanje obstoječih sistemskih, normativnih, programskih in metodoloških rešitev	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.25	Razvoj novih organizacijskih in upravljavskih rešitev	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.26	Izboljšanje obstoječih organizacijskih in upravljavskih rešitev	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.27	Prispevek k ohranjanju/varovanju naravne in kulturne dediščine	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE

	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.28 Priprava/organizacija razstave		
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.29 Prispevek k razvoju nacionalne kulturne identitete		
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.30 Strokovna ocena stanja		
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.31 Razvoj standardov		
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.32 Mednarodni patent		
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.33 Patent v Sloveniji		
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.34 Svetovalna dejavnost		
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
F.35 Drugo		
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>

Komentar

--

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

	Vpliv	Ni vpliva	Majhen vpliv	Srednji vpliv	Velik vpliv	
G.01	Razvoj visokošolskega izobraževanja					
G.01.01.	Razvoj dodiplomskega izobraževanja	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.01.02.	Razvoj podiplomskega izobraževanja	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.01.03.	Drugo: <input type="text"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02	Gospodarski razvoj					
G.02.01	Razširitev ponudbe novih izdelkov/storitev na trgu	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.02.	Širitev obstoječih trgov	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.03.	Znižanje stroškov proizvodnje	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.04.	Zmanjšanje porabe materialov in energije	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.05.	Razširitev področja dejavnosti	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.06.	Večja konkurenčna sposobnost	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.07.	Večji delež izvoza	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.08.	Povečanje dobička	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.09.	Nova delovna mesta	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.10.	Dvig izobrazbene strukture zaposlenih	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.11.	Nov investicijski zagon	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.12.	Drugo: <input type="text"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.03	Tehnološki razvoj					
G.03.01.	Tehnološka razširitev/posodobitev dejavnosti	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.03.02.	Tehnološko prestrukturiranje dejavnosti	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.03.03.	Uvajanje novih tehnologij	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.03.04.	Drugo: <input type="text"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.04	Družbeni razvoj					
G.04.01	Dvig kvalitete življenja	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.04.02.	Izboljšanje vodenja in upravljanja	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.04.03.	Izboljšanje delovanja administracije in javne uprave	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.04.04.	Razvoj socialnih dejavnosti	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.04.05.	Razvoj civilne družbe	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.04.06.	Drugo: <input type="text"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.05.	Ohranjanje in razvoj nacionalne naravne in kulturne dediščine in	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	

	identitete					
G.06.	Varovanje okolja in trajnostni razvoj	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.07	Razvoj družbene infrastrukture					
G.07.01.	Informacijsko-komunikacijska infrastruktura	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.07.02.	Prometna infrastruktura	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.07.03.	Energetska infrastruktura	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.07.04.	Drugo:	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.08.	Varovanje zdravja in razvoj zdravstvenega varstva	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.09.	Drugo:	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	

Komentar

--

12.Pomen raziskovanja za sofinancerje¹¹

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

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

V letu 2013 ni bilo izjemnih znanstvenih dosežkov.
--

13.2. Izjemni družbeno-ekonomski dosežek

<p>Metagenom krompirja določen v sklopu natečaja GS Junior Projekt analize metagenoma krompirja je bil izbran ne natečaju podjetja Roche za najboljši raziskovalni projekt s področja sekvenciranja naslednje generacije s sistemom GS Junior. Analizo metagenoma smo tako opravili v sodelovanju s podjetjem Roche Slovenija in po končani obdelavi podatkov pripravili poster/diapozitiv, ki ga je podjetje uporabilo za promocijo tehnologije sekvenciranja pri potencialnih strankah. Naše poročilo o opravljeni analizi je izzvalo veliko zanimanje za sekvenciranje s sistemom GS Junior. Odzvala so se predvsem podjetja, ki</p>

so se zanimala za določitev mikrobne združbe v čistilnih napravah, določitev mikrobioma mleka... Preko podjetja Roche smo tako pripomogli k boljši prepoznavnosti in konkurenčnosti slovenske znanosti.

C. IZJAVE

Podpisani izjavljam/o, da:

- so vsi podatki, ki jih navajamo v poročilu, resnični in točni
- se strinjamo z obdelavo podatkov v skladu z zakonodajo o varstvu osebnih podatkov za potrebe ocenjevanja ter obdelavo teh podatkov za evidence ARRS
- so vsi podatki v obrazcu v elektronski obliki identični podatkom v obrazcu v pisni obliki
- so z vsebino zaključnega poročila seznanjeni in se strinjajo vsi soizvajalci projekta

Podpisi:

*zastopnik oz. pooblaščen oseba
raziskovalne organizacije:*

in

vodja raziskovalnega projekta:

Univerza v Ljubljani, Biotehniška
fakulteta

Polona Kogovšek

ŽIG

Kraj in datum:

Oznaka prijave: ARRS-RPROJ-ZP-2014/107

¹ Napišite povzetek raziskovalnega projekta (največ 3.000 znakov v slovenskem in angleškem jeziku) [Nazaj](#)

² Napišite kratko vsebinsko poročilo, kjer boste predstavili raziskovalno hipotezo in opis raziskovanja. Navedite ključne ugotovitve, znanstvena spoznanja, rezultate in učinke raziskovalnega projekta in njihovo uporabo ter sodelovanje s tujimi partnerji. Največ 12.000 znakov vključno s presledki (približno dve strani, velikost pisave 11). [Nazaj](#)

³ Realizacija raziskovalne hipoteze. Največ 3.000 znakov vključno s presledki (približno pol strani, velikost pisave 11) [Nazaj](#)

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

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

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

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

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

⁷ Navedite rezultate raziskovalnega projekta iz obdobja izvajanja projekta (do oddaje zaključnega poročila) v primeru, da katerega od rezultatov ni mogoče navesti v točkah 6 in 7 (npr. ni voden v sistemu COBISS). Največ 2.000 znakov, vključno s presledki. [Nazaj](#)

⁸ Pomen raziskovalnih rezultatov za razvoj znanosti in za razvoj Slovenije bo objavljen na spletni strani:

<http://sicris.izum.si/> za posamezen projekt, ki je predmet poročanja [Nazaj](#)

⁹ Največ 4.000 znakov, vključno s presledki [Nazaj](#)

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

¹¹ Rubrike izpolnite / prepisite skladno z obrazcem "izjava sofinancerja" <http://www.arrs.gov.si/sl/progproj/rproj/gradivo/>, ki ga mora izpolniti sofinancer. Podpisan obrazec "Izjava sofinancerja" pridobi in hrani nosilna raziskovalna organizacija – izvajalka projekta. [Nazaj](#)

¹² Navedite en izjemni znanstveni dosežek in/ali en izjemni družbeno-ekonomski dosežek raziskovalnega projekta v letu 2013 (največ 1000 znakov, vključno s presledki). Za dosežek pripravite diapozitiv, ki vsebuje sliko ali drugo slikovno gradivo v zvezi z izjemnim dosežkom (velikost pisave najmanj 16, približno pol strani) in opis izjemnega dosežka (velikost pisave 12, približno pol strani). Diapozitiv/-a priložite kot priponko/-i k temu poročilu. Vzorec diapozitiva je objavljen na spletni strani ARRS <http://www.arrs.gov.si/sl/gradivo/>, predstavitev dosežkov za pretekla leta pa so objavljena na spletni strani <http://www.arrs.gov.si/sl/analize/dosez/>. [Nazaj](#)

Obrazec: ARRS-RPROJ-ZP/2014 v1.03

AD-E5-02-E7-D6-16-E9-61-61-3A-D4-CB-EA-C6-41-5C-42-A1-2C-D2

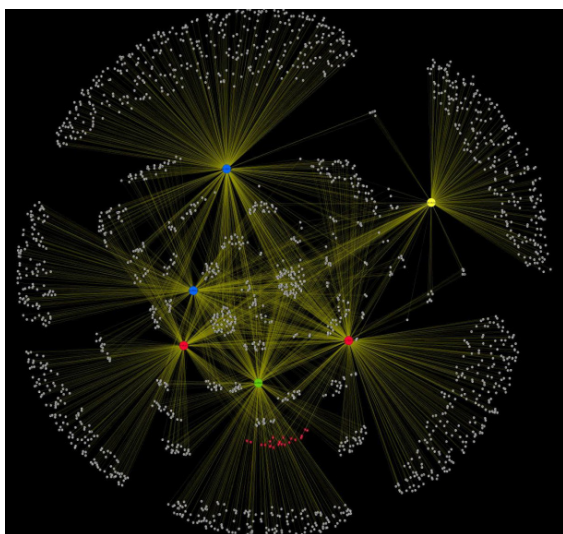
Priloga 1

VEDA NARAVOSLOVJE

Področje: 1.03 Biologija

Dosežek 1: KOGOVŠEK, Polona, KUTNJAK, Denis, RAVNIKAR, Maja. *Microbial community of potato plant leaves analysed by 454 GS Junior system*. [S. l.,: s. n.], 2013. 1 plakat, barve. [COBISS.SI-ID [3070287](#)]

Določen metagenom krompirja



Posamezna rastlina (večje barvne pike) ima lastno specifično mikrobno združbo. Male rdeče pike predstavljajo operativne taksonomske enote, ki so prisotne le v rastlinah okuženih z virusom Y krompirja.

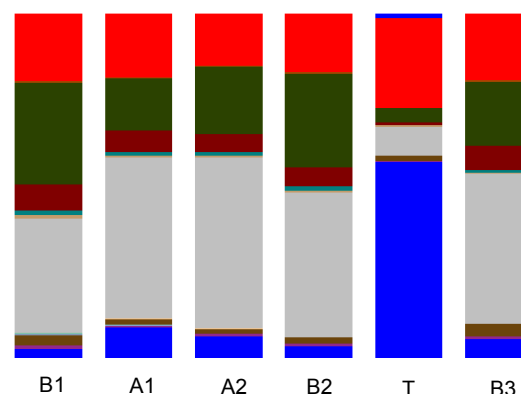
V posameznem vzorcu krompirja smo zaznali različne taksonomske vzorce. Barve predstavljajo različne razrede bakterij in debelina črt je sorazmerna z odstotkom operativnih taksonomskih enot v določenem vzorcu.

Rdeča: Gammaproteobacteria, zelena:

Betaproteobacteria, temno rdeča:

Alphaproteobacteria, siva: kloroplastna DNA,

modra: druge bakterije.



T: rastline v tkivni kulturi; A: manjša rastna komora, B: večja rastna komora, prisotne tudi druge rastline

Projekt analize metagenoma krompirja je bil izbran ne natečaju podjetja Roche za najboljši raziskovalni projekt s področja sekvenciranja naslednje generacije s sistemom GS Junior. Analizo metagenoma smo tako opravili v sodelovanju s podjetjem Roche Slovenija.

Rezultati metagenomske analize so pripomogli k boljšemu razumevanju vpliva okolja na sestavo mikrobne populacije, saj smo pokazali da ima okolje izreden vpliv na sestavo in raznolikost mikrobne populacije krompirja. Slednje je izrednega pomena pri zasnovi metagenomskih poskusov, analizah interakcije med patogenom in gostiteljem in drugih fizioloških študijah.

Po končani obdelavi podatkov smo pripravili poster, ki ga je podjetje Roche uporabilo za oglaševanje storitve sekvenciranja s sistemom GS Junior. Naše poročilo o opravljeni analizi je izzvalo veliko zanimanje pri potencialnih strankah. Odzvala so se predvsem podjetja, ki so se zanimala za določitev mikrobne združbe npr. v čistilnih napravah, določitev mikrobioma mleka... Preko podjetja Roche smo tako pripomogli k boljši prepoznavnosti in konkurenčnosti slovenske znanosti.