

Oznaka poročila: ARRS-RPROJ-ZP-2013/202



## ZAKLJUČNO POROČILO RAZISKOVALNEGA PROJEKTA

## A. PODATKI O RAZISKOVALNEM PROJEKTU

## 1. Osnovni podatki o raziskovalnem projektu

<b>Šifra projekta</b>	Z4-3664
<b>Naslov projekta</b>	Transkriptomika patogene glive v simbiozi s smrekovim lubadarjem
<b>Vodja projekta</b>	23473 Ljerka Lah
<b>Tip projekta</b>	Zt Podoktorski projekt - temeljni
<b>Obseg raziskovalnih ur</b>	3400
<b>Cenovni razred</b>	A
<b>Trajanje projekta</b>	05.2010 - 04.2012
<b>Nosilna raziskovalna organizacija</b>	104 Kemijski inštitut
<b>Raziskovalne organizacije - soizvajalke</b>	
<b>Raziskovalno področje po šifrantu ARRS</b>	4 BIOTEHNIKA 4.06 Biotehnologija 4.06.04 Mikrobna biotehnologija
<b>Družbeno-ekonomski cilj</b>	02. Okolje

2. Raziskovalno področje po šifrantu FOS<sup>1</sup>

<b>Šifra</b>	2.08
<b>- Veda</b>	2 Tehniške in tehnološke vede
<b>- Področje</b>	2.08 Okoljska biotehnologija

## B. REZULTATI IN DOSEŽKI RAZISKOVALNEGA PROJEKTA

3. Povzetek raziskovalnega projekta<sup>2</sup>

SLO

Motnje naravnega ravnovesja, ki jih bodo delno povzročile podnebne spremembe bodo pomembno vplivale na dinamiko gozdnih ekosistemov. Kot posledica podnebnih sprememb, je predispozicija evropskih iglastih gozdov (predvsem smreke *Picea abies*) za izbruhe podlubnikov oziroma osmerozobega smrekovega lubadarja (*Ips typographus*) visoka in bo naraščala z bolj ekstremnimi vremenskimi pogoji. Iglavci

so uspešno napadeni in uničeni s kombinacijo podlubnikov, ki se hranijo z drevesnim floemom in inokulacijo ofiostomatoidnih gliv modrivk, ki jih prenašajo hrošči. V Evropi je veliko pomanjkanje genomskih študij komponent simbioze podlubnik-drevo-patogena gliva.

Z inovativnim pristopom, ki uporablja genomske in transkriptomske vire kot trdno osnovo za evolucijske in nadaljne funkcijske študije genov, smo identificirali specifične gene, ki so vključeni v patogenezo asociativnih gliv podlubnikov. Z določanjem ključnih genov smo pričeli odkrivati kako patogene glive ustvarjajo mikrokoolje, ki je bolj naklonjeno preživetju hroščev podlubnikov kot tudi njih samih z razstrupljanjem drevesnih obrambnih spojin. Določili smo genoma dveh vrst patogenih gliv, ki sta v asociaciji s smrekovim lubadarjem, *Ceratocystis polonica* in *Ophiostoma bicolor*. Prav tako smo določili transkriptomska zaporedja obeh gliv, gojenih v kontrolnih pogojih, ter tretiranih s sintetično mešanico monoterpenov, ki so ključne obrambne spojine smreke. Določena transkriptomska zaporedja so razkrila gene, ki so izraženi pod pogoji glivnega napada in tako verjetno vključeni v patogenost obeh vrst gliv. Odkrili smo gene, ki kodirajo citokrome P450 in so vključeni v razstrupljanje obrambnih spojin gostitelja ter v njihovo pretvorbo v alternativne uporabne vire ogljika, ABC transporterje, ki so vključeni v eliminacijo toksičnih spojin ter gene, ki so vključeni v sintezo sekundarnih metabolitov (poliketidne sintaze in neribosomalne peptidne sintaze). Izvedli smo primerjalne genomske analize in filogenetske analize s severno-ameriško vrsto gliv modrivk, *Grosmannia clavigera*. Na osnovi teh raziskav smo določili in izbrali gene (predvsem citokrome P450) za nadaljno biokemijsko in funkcionalno karakterizacijo.

Trdna genomska osnova bioloških komponent simbioze podlubnik-drevo-patogena gliva pripomore k poglobljenemu razumevanju dinamike med gostiteljem in patogenom in omogoča razvoj napovednih orodij za modeliranje okoljskega tveganja. Prav tako prispeva k trajnostnemu razvoju in upravljanju gozdov, gozdnih ekosistemov in ohranjanju biotske pestrosti.

ANG

Natural disturbances, brought about by a changing climate, play key roles in forest ecosystem dynamics. As a consequence of climate change, the predisposition of European coniferous forests, specifically Norway spruce forests (*Picea abies*) to outbreaks of the European spruce bark beetle (*Ips typographus*) is high and will increase with extreme weather conditions. Coniferous trees are effectively killed by the combination of phloem-mining bark beetles and inoculation of ophiostomatid fungi, vectored by the insect. There is a great lack of comprehensive genomic studies of bark beetle system components, especially in Europe.

In a novel holistic approach which uses genomic and transcriptomic resources as a firm background for further functional and evolutionary studies, we aimed to identify specific genes involved in pathogenicity of bark beetle-associated fungi. Through identified genes, we have begun to elucidate how fungi make the environment more favorable for bark beetles by weakening or detoxifying tree defenses. We have sequenced the genomes of two pathogenic fungal associates of *I. typographus*, *Ceratocystis polonica* and *Ophiostoma bicolor*. We have also sequenced transcriptomes of both species grown on control media and treated with a synthetic blend of monoterpenes, which are spruce defense compounds. The results of whole transcriptome sequencing revealed which genes are highly expressed under fungal attack conditions and thus more likely to be involved in pathogenicity of these two species. We have discovered genes from the cytochrome P450 family, possibly involved in the detoxification of host defense compounds and their utilization as alternative carbon sources, ABC transporter proteins involved in elimination of these compounds, as well as genes involved in the synthesis of toxic secondary metabolites (polyketide synthases and non-ribosomal peptide synthases). We have conducted comparative genomic analyses and phylogenetic analyses with the North-American bluestain fungus and bark beetle associate, *Grosmannia clavigera*. Based on these studies we have identified and selected genes (with a primary focus on cytochromes

P450) for further biochemical and functional characterization.

A strong genomic background of bark beetles system components, including associated pathogenic fungi contributes to a deeper understanding of host-pathogen dynamics and allows for the development of genomics enhanced environmental risk modeling predictions and sustainable development and management of forests, forest ecosystems and preservation of biodiversity.

#### 4. Poročilo o realizaciji predloženega programa dela na raziskovalnem projektu<sup>3</sup>

Raziskovalno delo je potekalo na Kemijskem Inštitutu ter na Fakulteti za gozdarstvo (Faculty of Forestry) in Michael Smith Laboratories na University of British Columbia (UBC), kjer imajo poglobljeno znanje raziskovalne tematike ter opremo za biokemijsko (specializiran laboratorij za plinsko/tekočinsko kromatografijo z masno spektrometrijo; GC/LC-MS) ter *in vivo* funkcijsko karakterizacijo tarčnih genov. V omenjenih laboratorijih so v okviru obsežnega projekta o genomiki organizmov simbioze podlubnika (iglavca, hrošč, gliva) v Kanadi ([www.thetriaproject.ca](http://www.thetriaproject.ca)) določili genom glive *Grosmannia clavigera*, ki jo prenaša hrošč *Dendroctonus ponderosae*. Gliva je patogen na iglavcu *Pinus contorta*.

##### 1. Analiza genoma in transkriptoma glive *G. clavigera*

V referenčnem genomu glive *G. clavigera* kw1407 (velikost 30 Mbp) smo določili 54 genov za citokrome P450 (CYP), ki so v skladu z nomenklaturo razvrščeni v ustrezne (pod)družine. Evolucijsko zgodovino sorodnih genov smo ugotovili s filogenetsko analizo. Posebno pozornost smo namenili genom iz družine CYP65, ki so verjetno vključeni v pretvorbe terpenov. Slednji so ena glavnih obrambnih spojin gostiteljskega drevesa. Poleg CYP-ov smo identificirali tudi neribosomalne peptidne sintaze (NRPS) in poliketidne sintaze (PKS). Ti encimi katalizirajo ključno reakcijo pri sintezi glivnih sekundarnih metabolitov (SM) in so osnovni geni v genskih gručah vključenih v glivni sekundarni metabolizem (SM). *G. clavigera* ima 5 NRPS in 15 PKS genov in 16 genskih gruč v SM. Filogenetska analiza je razkrila PKS, vključene v sintezo sekundarnih metabolitov, ki so strukturno podobni aspertecinu, asperfuranonu, toksinu T, botcinski kislini in drugim mikotoksinom.

Hkrati smo pregledali ekspresijski profil CYP genov po indukciji z mešanico monoterpenov. Analiza transkriptomskih podatkov je omogočila določitev CYP-ov, ki so vključeni v odgovor na drevesne obrambne spojine in sodelujejo pri njihovem razstrupljanju, oziroma v obrambnem mehanizmu glive (pri sintezi sekundarnih metabolitov). Slednji so vključeni v že omenjene biosintetske gruče genov, katerih izražanje je povečano po indukciji.

##### 2. Funkcijska karakterizacija izbranih citokromov P450.

Na podlagi zgoraj navedenih rezultatov smo izbrali tarčne CYP gene za nadaljno funkcijsko karakterizacijo. Vzpostavili smo sistem za funkcijsko karakterizacijo tarčnih genov (4 CYP gene iz družin CYP53 (benzoatna parahidroksilaza), CYP65, CYP530, CYP630, ter gena za reduktazi CYP (CPR1 in 2). Rekombinantne gene smo izrazili v *Escherichii coli* (sintetični geni optimizirani za izražanje v bakteriji) ter v kvasovki *Saccharomyces cerevisiae*. V teku je funkcijska karakterizacija, ter iskanje ustreznih substratov (monoterpeni in maščobne ksiline). CYP530 je verjetno udeležen pri pretvorbi monoterpenov, za CYP630 pa smo ugotovili, da je izmed vseh preverjenih maščobnih kislin substrat le oleinska kislina. Za CYP65 smo pripravili delecijско mutantno. Z GCMS smo pregledali metabolne profile glive po rasti na minimalnem gojišču z monoterpeni, ki so edini vir ogljika. Rezultati

biokemijske karakterizacije ter rast in metabolni profil mutante po tretiranju z monoterpeni so nakazali vlogo posameznega CYP-a v primarni pretvorbi drevesnih monoterpenov. Vzpostavljene sisteme za izražanje CYP genov in njihovo funkcijsko karakterizacijo smo uporabili pri določanju vloge CYP genov (tudi pri evropskih vrstah asociativnih gliv podlubnikov).

Rastne poskuse na gojišču z monoterpeni smo izvedli na obeh evropskih vrstah gliv (gl. spodaj). Primerjali smo rast različnih sevov na gojišču s posameznimi monoterpeni ter mešanico monoterpenov in ugotovili različno odpornost znotraj sevov ene vrste kot tudi različno moč inhibicije za posamezen monoterpen (najbolj inhibira limonen).

### 3. Določanje genomov in transkriptomov gliv *Ophiostoma bicolor* in *Ceratocystis polonica*.

Z Oddelka za Gozdrastvo Biotehniške fakultete Univerze v Ljubljani smo pridobili ter uvozili seve dveh evropskih vrst asociativnih gliv podlubnikov, *O. bicolor* in bolj patogene *C. polonica*. Iz obeh gliv smo izolirali DNA, ter jo poslali na določanje genomskega zaporedja s tehnologijo Illumina (HiSeq 2000). Iz obeh gliv smo izolirali RNA iz micelija, gojenega na gojišču z monoterpeni, ki smo jo poslali na določanje transkriptomskega zaporedja (Illumina HiSeq 2000). Genoma in transkriptomi (za vsako vrsto transkriptom po tretiranju in kontrolni transkriptom) obeh gliv so določeni. Genoma sta sestavljena, prav tako so predvideni geni pri obeh glivah (sodelovanje: Department of Environmental Biology, University of Guelph, Ontario, Canada). *O. bicolor*: 27 Mbp, N50=119 kbp, število kontigov - 15674, število predvidenih genov - 7746. *C. polonica*: 34.7 Mbp, N50=118 kbp, število kontigov - 7184, število predvidenih genov - 6405. V teku je anotacija obeh genomov ter priprava materialov za znanstveno publikacijo. Določanje in sestavljanje transkriptomov je zaključeno (komercialne usluge: LC Sciences, Texas, ZDA), v teku je mapiranje transkriptomskih podatkov na obstoječa genoma.

S primerjalno analizo genomov/transkriptomov evropskih in kanadske vrste gliv, bomo lahko ugotovili podobnosti v ekologiji ter sklepali na razlike, ki jih pogojujejo geografska razdalja, vektor (lubadar) ter gostitelj. Rezultati analiz bodo razkrili gene in mehanizme, ki glivi omogočajo toleranco gostiteljevih obrambnih spojin ter razlike med manj (*O. bicolor*) in bolj (*C. polonica*, *G. clavigera*) patogenimi simbionti. Izpostavljeni geni bodo predmet nadaljnjih raziskav.

## 5. Ocena stopnje realizacije programa dela na raziskovalnem projektu in zastavljenih raziskovalnih ciljev<sup>4</sup>

Ocenjujemo, da smo zastavljene cilje raziskovalnega projekta izpolnili. Genom in transkriptom severno-ameriške vrste patogene glive *G. clavigera* smo najprej bioinformatično analizirali ter izvedli filogenetsko analizo CYP, NRPS in PKS genov, pričeli s funkcijsko karakterizacijo tarčnih CYP-ov, analizami glivnih metabolitov ter testi rasti na CYP delecijski mutanti. Navedena metodologija in rezultati projekta v prvem letu so bili trdna podlaga za načrtovanje raziskav evropskih vrst patogenih asociativnih gliv podlubnikov. Zaradi napredka v tehnologiji določanja (uporabili smo najnovejšo tehnologijo Illumina) ter metodah sestavljanja DNA in RNA zaporedij, ter hkratno pocenitvijo teh raziskav, smo delo razširili dvosmerno. Poleg glive *O. bicolor*, smo določili transkriptom tudi glivi *C. polonica*. Poleg določitve transkriptoma, smo obema glivama določili tudi genomsko zaporedje. Takšna razširitev raziskave bo omogočala poglobljeno primerjalno analizo med manj in bolj patogenimi vrstami asociativnih gliv podlubnikov, ter izpostavila vpliv geografske razdalje, prenašalca ter obrambnih strategij gostiteljskega

drevesa. Prav zaradi tega bomo lahko v nadaljnjih raziskavah natančneje izbrali gene (CYP; gene v genskih gručah sekundarnega metabolizma), ki imajo vlogo pri detoksifikaciji in s tem toleranci gostiteljevih obrambnih spojin, ter možno vlogo pri patogenezi (sinteza mikotoksinov).

S sodelavci s Kemijskega Inštituta smo z masno spektroskopijo analizirali metabolite smreke kot odgovor na napad patogene glive. Rezultati te analize so ponudili nabor možnih substratov za tarčne citokrome P450.

#### 6. Utemeljitev morebitnih sprememb programa raziskovalnega projekta oziroma sprememb, povečanja ali zmanjšanja sestave projektne skupine<sup>2</sup>

Bistvenih sprememb, ki bi vplivale na vsebino, program in cilje raziskovalnega projekta, ni.

#### 7. Najpomembnejši znanstveni rezultati projektne skupine<sup>6</sup>

Znanstveni dosežek		
1.	COBISS ID	4729882
		Vir: COBISS.SI
Naslov	SLO	Mnogostranskost glivnega monooksigenaznega sistema citokromov P450 je ključna pri razstrupljanju ksenobiotikov
	ANG	The versatility of the fungal cytochrome P450 monooxygenase system is instrumental in xenobiotic detoxification
Opis	SLO	Citokromi P450 (CYPi) katalizirajo raznolike reakcije in so ključni encimi v glivnem primarnem in sekundarnem metabolizmu, ter pri razstrupljanju ksenobiotikov. Encimske lastnosti ter substratna specifičnost CYPov določajo produkte biokemijske reakcije. Vendar pa lahko na slednje vplivajo tudi redoks partnerji CYPov. Nitaste glive s številnimi CYPi imajo ponavadi več mikrosomalnih redoks partnerjev, reduktaz citokromov P450 (CPR). Pri rastlinski patogeni glivi <i>Cochliobolus lunatus</i> smo določili dve paralogni CPR, CPR1 in CPR2. Naš cilj je bil funkcijsko določiti dva endogena P450 monooksigenazna sistema ter osvetliti verjetne fiziološke vloge CPR1 in CPR2. Obe CPR smo rekonstituirali s CYP53A15, ali benzoatno 4-hidroksilazo iz glive <i>C. lunatus</i> , ki je ključna pri razstrupljanju rastlinskih fenolnih obrambnih spojin. Biokemijska karakterizacija s HPLC kaže, da obe reduktazi podpirata aktivnost CYP53A15, a imata različni produkti specifičnosti. V sistemu s CPR1, CYP53A15 pretvarja benzoat v 4-hidroksibenzoat, in 3-metoksibenzoat v 3-hidroksibenzoat. Ko je partner CPR2, sta oba substrata pretvorjena v 3,4-dihidroksibenzoat. Delecije mutante in izražanje genov v miceliju, gojenem na medijih z inhibitorji, nakazujejo, da je CPR1 pomembna v primarnem metabolizmu, CPR2 pa je ključna pri razstrupljanju ksenobiotikov
	ANG	Cytochromes P450 (CYPs) catalyse diverse reactions and are key enzymes in fungal primary and secondary metabolism, and xenobiotic detoxification. CYP enzymatic properties and substrate specificity determine the reaction outcome. However, CYP-mediated reactions may also be influenced by their redox partners. Filamentous fungi with numerous CYPs often possess multiple microsomal redox partners, cytochrome P450 reductases (CPRs). In the plant pathogenic ascomycete <i>Cochliobolus lunatus</i> we recently identified two CPR paralogues, CPR1 and CPR2. Our objective was to functionally characterize two endogenous fungal cytochrome P450 systems and elucidate the putative physiological roles of CPR1 and CPR2. We reconstituted both CPRs with CYP53A15, or benzoate 4-hydroxylase from <i>C. lunatus</i> , which is crucial in the detoxification of phenolic plant defence compounds. Biochemical characterization using RP-HPLC shows that both

		<p>redox partners support CYP activity, but with different product specificities. When reconstituted with CPR1, CYP53A15 converts benzoic acid to 4-hydroxybenzoic acid, and 3-methoxybenzoic acid to 3-hydroxybenzoic acid. However, when the redox partner is CPR2, both substrates are converted to 3,4-dihydroxybenzoic acid. Deletion mutants and gene expression in mycelia grown on media with inhibitors indicate that CPR1 is important in primary metabolism, whereas CPR2 plays a role in xenobiotic detoxification.</p>
	Objavljeno v	Blackwell Scientific; Molecular microbiology; 2011; Vol. 85, iss. 5; str. 1374-1389; Impact Factor: 5.010; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 3.321; A': 1; Avtorji / Authors: Lah Ljerka, Podobnik Barbara, Novak Metka, Korošec Branka, Berne Sabina, Vogelsang Matjaž, Kraševac Nada, Zupanec Neja, Stojan Jure, Bohlmann Joerg, Komel Radovan
	Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek
2.	COBISS ID	30257113 Vir: COBISS.SI
	Naslov	<p><i>SLO</i> Citorkomi P450 glive <i>Grosmannia clavigera</i></p> <p><i>ANG</i> The cytochromes P450 of <i>Grosmannia clavigera</i></p>
	Opis	<p><i>SLO</i> <i>Grosmannia clavigera</i> je asociativna gliva podlubnika <i>Dendroctonus ponderosae</i> in patogen na boru <i>Pinus contorta</i>, ki mora biti odporna na terpenoidne smole in fenolne obrambne spojine gostiteljskega drevesa. <i>G. clavigera</i> se odzove na vdor monoterpenov s komplementarnimi mehanizmi, ki vključujejo izčrpavanje ter uporabo teh snovi kot vir ogljika. Citokromi P450 (CYP) so verjetno vključeni v metabolizem gostiteljevih obrambnih spojin. Identificirali in filogenetsko opredelili smo citokrome P450 glive <i>G. clavigera</i>. Pokazali smo, da se je družina citokromov P450 pri tej glivi v evoluciji skrčila, kljub temu pa je prišlo do podvojitve določenih genov. Analizirali smo transkriptomске podatke (RNA-seq) za ekspresijo CYP genov po tretiranju s terpeni ter floemskim ekstraktom bora, da bi določili CYP gene, ki so verjetno vključeni v razstrupljanje teh obrambnih spojin. Prav tako smo analizirali transkriptomске podatke glive, ki smo jo gojili na monoterpenih, trigliceridih oziroma oleinski kislini kot edinemu viru ogljika, z namenom ugotoviti kateri CYP geni so verjetno vključeni v razgradnjo teh spojin in s tem njihovo uporabo kot vir hrane. Končno smo ugotovili tudi gruče genov, ki so vključene v sintezo sekundarnih metabolitov, ki tudi vsebujejo CYP gene, ter gruče, ki verjetno sodelujejo pri pretvorbi gostiteljskih spojin.</p> <p><i>ANG</i> <i>Grosmannia clavigera</i> is a fungal associate of the mountain pine beetle (<i>Dendroctonus ponderosae</i>) and a pathogen of lodgepole pine (<i>Pinus contorta</i>) that must overcome terpenoid oleoresin and phenolic defenses of host trees. <i>G. clavigera</i> responds to monoterpene influx with complementary mechanisms that include export and the use of these compounds as a carbon source. Cytochromes P450 (CYPs) may also be involved in the metabolism of host defense compounds. We have identified and phylogenetically classified <i>G. clavigera</i> CYPs (CYPome). We show that although the <i>G. clavigera</i> CYPome has contracted in evolution, certain CYP families have expanded by duplication. We analyzed RNA-seq data for CYP expression following treatment with terpenes and pine phloem extracts to identify CYPs potentially involved in detoxification of these pine defense compounds. We also used transcriptome analysis of <i>G. clavigera</i> grown on monoterpenes, triglycerides or oleic acid as a carbon source to identify up-regulated CYPs that may be involved in the utilization of these compounds to support fungal growth. Finally, we identify secondary metabolite biosynthetic gene clusters that contain CYPs, and CYPs in clusters that may be involved in conversion of host chemicals.</p>
	Objavljeno v	Academic Press; Fungal genetics and biology; 2013; Vol. 50; str. 72-81; Impact Factor: 3.737; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact

	Factor: 2.308; A': 1; Avtorji / Authors: Lah Ljerka, Haridas Sajeet, Bohlmann Joerg, Breuil Colette
Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek

### 8. Najpomembnejši družbeno-ekonomski rezultati projektne skupine<sup>7</sup>

Družbeno-ekonomski dosežek																							
1.	<table border="1"> <tr> <td>COBISS ID</td> <td>30293209</td> <td>Vir: COBISS.SI</td> </tr> <tr> <td rowspan="2">Naslov</td> <td>SLO</td> <td>Nagradna anketa NextGen Voices - revija Science</td> </tr> <tr> <td>ANG</td> <td>NextGen Voices Survey - Science Magazine</td> </tr> <tr> <td rowspan="2">Opis</td> <td>SLO</td> <td>V reviji Science so julija povabili mlade znanstvenike, da opišejo veliko idejo na njihovem raziskovalnem področju, za katero bi želeli, da bi jo razumel vsakdo. V oktobrski številki revije Science so objavili najboljše odgovore, med njimi je bil izbran tudi odgovor vodje projekta.</td> </tr> <tr> <td>ANG</td> <td>Science magazine's periodic NextGen Voices survey asks young scientist What one big idea in your field do you wish that every non-scientist understood? Why? In the October 2013 issue, Ljerka Lah was one of the winners of the survey.</td> </tr> <tr> <td>Šifra</td> <td colspan="2">E.02 Mednarodne nagrade</td> </tr> <tr> <td>Objavljeno v</td> <td colspan="2">American Association for the Advancement of Science; Science; 2012; Vol. 338; str. 41-42; Impact Factor: 31.201; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 2.271; Avtorji / Authors: Lah Ljerka</td> </tr> <tr> <td>Tipologija</td> <td colspan="2">1.21 Polemika, diskusijski prispevek</td> </tr> </table>	COBISS ID	30293209	Vir: COBISS.SI	Naslov	SLO	Nagradna anketa NextGen Voices - revija Science	ANG	NextGen Voices Survey - Science Magazine	Opis	SLO	V reviji Science so julija povabili mlade znanstvenike, da opišejo veliko idejo na njihovem raziskovalnem področju, za katero bi želeli, da bi jo razumel vsakdo. V oktobrski številki revije Science so objavili najboljše odgovore, med njimi je bil izbran tudi odgovor vodje projekta.	ANG	Science magazine's periodic NextGen Voices survey asks young scientist What one big idea in your field do you wish that every non-scientist understood? Why? In the October 2013 issue, Ljerka Lah was one of the winners of the survey.	Šifra	E.02 Mednarodne nagrade		Objavljeno v	American Association for the Advancement of Science; Science; 2012; Vol. 338; str. 41-42; Impact Factor: 31.201; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 2.271; Avtorji / Authors: Lah Ljerka		Tipologija	1.21 Polemika, diskusijski prispevek	
COBISS ID	30293209	Vir: COBISS.SI																					
Naslov	SLO	Nagradna anketa NextGen Voices - revija Science																					
	ANG	NextGen Voices Survey - Science Magazine																					
Opis	SLO	V reviji Science so julija povabili mlade znanstvenike, da opišejo veliko idejo na njihovem raziskovalnem področju, za katero bi želeli, da bi jo razumel vsakdo. V oktobrski številki revije Science so objavili najboljše odgovore, med njimi je bil izbran tudi odgovor vodje projekta.																					
	ANG	Science magazine's periodic NextGen Voices survey asks young scientist What one big idea in your field do you wish that every non-scientist understood? Why? In the October 2013 issue, Ljerka Lah was one of the winners of the survey.																					
Šifra	E.02 Mednarodne nagrade																						
Objavljeno v	American Association for the Advancement of Science; Science; 2012; Vol. 338; str. 41-42; Impact Factor: 31.201; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 2.271; Avtorji / Authors: Lah Ljerka																						
Tipologija	1.21 Polemika, diskusijski prispevek																						
2.	<table border="1"> <tr> <td>COBISS ID</td> <td>4637466</td> <td>Vir: COBISS.SI</td> </tr> <tr> <td rowspan="2">Naslov</td> <td>SLO</td> <td>CYPom patogena Grossmania clavigera, asociativne glive podlubnika Dendroctonus ponderosae</td> </tr> <tr> <td>ANG</td> <td>The CYPome of the mountain pine beetle-associated fungal pathogen: Grossmannia clavigera</td> </tr> <tr> <td rowspan="2">Opis</td> <td>SLO</td> <td>Vodja projekta je prejela nagrado "Certificate of Excellence for outstanding poster presentation by a Postdoctoral Scholar" za predstavitev prispevka (poster) na znanstvenem simpoziju "10th International symposium on cytochrome P450 biodiversity and biotechnology, Massachusetts, 3-7 October, 2010" za znanstveni prispevek: The CYPome of the mountain pine beetle-associated fungal pathogen, Grossmannia clavigera.</td> </tr> <tr> <td>ANG</td> <td>The project leader received a "Certificate of Excellence for outstanding poster presentation by a Postdoctoral Scholar" at the 10th International symposium on cytochrome P450 biodiversity and biotechnology, Massachusetts, 3-7 October, 2010.</td> </tr> <tr> <td>Šifra</td> <td colspan="2">E.02 Mednarodne nagrade</td> </tr> <tr> <td>Objavljeno v</td> <td colspan="2">s.n.]; 10th International symposium on cytochrome P450 biodiversity and biotechnology; 2010; 1 str.; Avtorji / Authors: Lah Ljerka, DiGuistini S., Massoui Alamouti S., Bohimann J., Breuil C.</td> </tr> <tr> <td>Tipologija</td> <td colspan="2">1.12 Objavljeni povzetek znanstvenega prispevka na konferenci</td> </tr> </table>	COBISS ID	4637466	Vir: COBISS.SI	Naslov	SLO	CYPom patogena Grossmania clavigera, asociativne glive podlubnika Dendroctonus ponderosae	ANG	The CYPome of the mountain pine beetle-associated fungal pathogen: Grossmannia clavigera	Opis	SLO	Vodja projekta je prejela nagrado "Certificate of Excellence for outstanding poster presentation by a Postdoctoral Scholar" za predstavitev prispevka (poster) na znanstvenem simpoziju "10th International symposium on cytochrome P450 biodiversity and biotechnology, Massachusetts, 3-7 October, 2010" za znanstveni prispevek: The CYPome of the mountain pine beetle-associated fungal pathogen, Grossmannia clavigera.	ANG	The project leader received a "Certificate of Excellence for outstanding poster presentation by a Postdoctoral Scholar" at the 10th International symposium on cytochrome P450 biodiversity and biotechnology, Massachusetts, 3-7 October, 2010.	Šifra	E.02 Mednarodne nagrade		Objavljeno v	s.n.]; 10th International symposium on cytochrome P450 biodiversity and biotechnology; 2010; 1 str.; Avtorji / Authors: Lah Ljerka, DiGuistini S., Massoui Alamouti S., Bohimann J., Breuil C.		Tipologija	1.12 Objavljeni povzetek znanstvenega prispevka na konferenci	
COBISS ID	4637466	Vir: COBISS.SI																					
Naslov	SLO	CYPom patogena Grossmania clavigera, asociativne glive podlubnika Dendroctonus ponderosae																					
	ANG	The CYPome of the mountain pine beetle-associated fungal pathogen: Grossmannia clavigera																					
Opis	SLO	Vodja projekta je prejela nagrado "Certificate of Excellence for outstanding poster presentation by a Postdoctoral Scholar" za predstavitev prispevka (poster) na znanstvenem simpoziju "10th International symposium on cytochrome P450 biodiversity and biotechnology, Massachusetts, 3-7 October, 2010" za znanstveni prispevek: The CYPome of the mountain pine beetle-associated fungal pathogen, Grossmannia clavigera.																					
	ANG	The project leader received a "Certificate of Excellence for outstanding poster presentation by a Postdoctoral Scholar" at the 10th International symposium on cytochrome P450 biodiversity and biotechnology, Massachusetts, 3-7 October, 2010.																					
Šifra	E.02 Mednarodne nagrade																						
Objavljeno v	s.n.]; 10th International symposium on cytochrome P450 biodiversity and biotechnology; 2010; 1 str.; Avtorji / Authors: Lah Ljerka, DiGuistini S., Massoui Alamouti S., Bohimann J., Breuil C.																						
Tipologija	1.12 Objavljeni povzetek znanstvenega prispevka na konferenci																						

### 9. Drugi pomembni rezultati projektne skupine<sup>8</sup>

1. V reviji Tree Physiology (IF 2.88) smo poslali članek z naslovom "Low density Ceratocystis polonica inoculation of Norway spruce (Picea abies) triggers accumulation of monoterpenes with antifungal properties" avtorjev Novak, Metka, Urbanek Krajnc, Andreja, Lah, Ljerka, Zupanec,



Neja, Krasevec, Nada, Križman, Mitja, Bohlmann, Joerg in Komel, Radovan.

2. Okrepili smo sodelovanje s prof. Joergom Bohmannom, Michael Smith Laboratories (UBC, Vancouver, British Columbia, Canada) in vzpostavili sodelovanje s prof. Tomom Hsiangom, Department of Environmental Biology (University of Guelph, Guelph, Ontario, Canada) na področju sestavljanja in anotacije glivnih genomov. V pripravi je znanstveni članek s področja primerjalne genomike gliv *C. polonica*, *O. bicolor* in *G. clavigera*.

3. Omogočili smo razširitev raziskav in sodelovanje znotraj skupine na Kemijskem Inštitutu (Laboratorij za biosintezo in biotransformacije). V slopu doktorskega študija je mlada raziskovalka Metka Novak gostovala v laboratoriju dr. Bohlmann dvakrat po šest mesecev in delala na razširjeni raziskovalni tematiki, ki je bila zasnovana v sklopu tega projekta.

4. V sklopu poljskih raziskav smo vzpostavili sodelovanje z dr. Andrejo Urbanek Kranjc z Univerze v Mariboru, kjer smo izvedli poskuse inokulacije glive v smreki. Rezultate monoterpenskega odziva v drevesih smo zbrali v članku, ki je bil poslan v objavo (gl. točko 2).

5. V času od 12. do 17. marca se bo vodja projekta udeležila mednarodne konferenec 27th FUNGAL GENETICS CONFERENCE v Asilomarju (Kalifornija, ZDA) s prispevkom "Comparative genomics of *Ceratocystis polonica* and *Ophiostoma bicolor*, two bark beetle-associated pathogenic fungi" avtorjev Ljerka Lah, Tom Hsiang, Colette Breuil, Joerg Bohlmann in Radovan Komel. Za udeležbo na konferenci je vodja projekta prejela denarno nagrado Genetics Society of America, ki pokrije približno polovico stroškov udeležbe.

## 10. Pomen raziskovalnih rezultatov projektne skupine<sup>9</sup>

### 10.1. Pomen za razvoj znanosti<sup>10</sup>

SLO

V Evropi, kjer so izbruhi podlubnikov, tudi kot posledica spreminjajočega podnebja, vedno pogostejši je občutno pomanjkanje genomskih resursov za komponente simbioze podlubnik-drevo-patogena gliva. Glavni namen projekta, ki je bil tudi dosežen, je bil osnove genomskih in transkriptomskih virov za dve vrsti fitopatogenih gliv, *Ceratocystis polonica* in *Ophiostoma bicolor*, ki sta v simbiozi z evropsko vrsto podlubnika, s smrekovim lubadarjem (*Ips typographus*). Ti viri služijo kot trdno izhodišče za nadaljne evolucijske in laboratorijske študije. V predlaganih raziskavah smo odkrili in filogenetsko določili, ter pričeli tudi s funkcionalno karakterizacijo ključnih genov v procesu patogenosti gliv modrivk (predvsem citokromov P450), ki so povezane z podlubniki.

Delno zasnovano in podporo projektu so nudile raziskave severno-ameriške vrste asociativne glive podlubnika *Grosmannia clavigera*, ki so jih izvajali v sklopu bolj obširnega projekta o genomiki simbiotov sistema podlubnika *Dendroctonus ponderosa* ([www.thetriaproject.ca](http://www.thetriaproject.ca)) in v katere je bila vključena tudi vodja projekta. Nove metodologije določanja zaporedja genoma in transkriptoma, bioinformatično analizo večjih količin podatkov (sestavljanje genoma in anotacija) ter znanje o biologiji severno-ameriške simbioze je uspešno prenesla na raziskave evropskih vrst gliv. Odkritja s tega področja smo obravnavali z dveh vidikov. V prvi vrsti smo lahko s primerjalno genomiko bližnje sorodnih patogenih ali saprofitskih gliv odkrili vrstno-specifične s patogenostjo povezane gene. Nadaljnje raziskave bodo usmerjene v določanje njihove vloge v organizmu. Lahko pa so ti geni predmet raziskav v biotehnologiji (npr. geni vključeni v sintezo sekundarnih metabolitov) ali farmakologiji (npr. geni, udeleženi v detoksifikaciji, kot tarče za nova protiglivična sredstva). Drugi vidik raziskav pa je vpogled v splošne mehanizme v odnosih med gostitelji in patogeni, ki ga lahko razširimo tudi na druge simbioze.

Mikrobni simbioti v sistemu podlubnikov predstavljajo notranjo kontrolo, ki nadzoruje prehod čez vrsto pragov na različnih nivojih. Če so pragovi preseženi, lahko pride do izbruha podlubnikov. Raziskave genomskega ozadja sistema podlubnikov predstavljajo osnovni nivo študij dinamike sistema na endemski stopnji ali stopnji izbruha. Te raziskave je treba upoštevati in vplesti tudi v raziskave na višjih nivojih, kot so okoljske študije ali pri izdelavi genomsko-podprtih orodij za napovedovanje okoljskih tveganj.

ANG

In Europe, where bark beetle outbreaks have become more frequent in recent years, also as a consequence of a changing climate, there is a great lack of comprehensive genomic studies of



bark beetle system components. The main aim of the project, which was successfully accomplished, was to create genomic and transcriptomic resources for two species of phytopathogenic fungi, *Ceratocystis polonica* and *Ophiostoma bicolor*, which are fungal associates of the European spruce bark beetle (*Ips typographus*). These resources are a firm background for further evolutionary and laboratory-based studies. In our proposed research we identified and phylogenetically characterized, and began to functionally characterize key genes (with a focus on cytochromes P450) in the process of pathogenesis of bluestain fungi associated with bark beetles.

The project was partially based and supported with studies of a North-American species of fungal bark beetle associates, *Grosmannia clavigera*, which were part of a large scale project ([www.thetriaproject.ca](http://www.thetriaproject.ca)) on the genomics of system components of the mountain pine beetle (*Dendroctonus ponderosae*) partly conducted by the project leader. She has successfully transferred new knowledge on the latest genome and transcriptome sequencing methodologies, bioinformatic analyses of large sequencing data-sets (genome/transcriptome assembly and annotation) as well as knowledge on the biology of the North American symbiosis. New insights and results were twofold. Firstly, we were able to discover species-specific pathogenicity genes, through comparative genomic analyses of closely related pathogenic and/or saprophytic fungi. Subjected to further study, these can be characterized for their functional role in the fungus. Alternatively, their properties can be used in biotechnology (e.g. genes involved in secondary metabolite biosynthesis) or pharmacology (e.g. detoxifying enzymes as novel drug targets). Secondly, such an analysis yields information on the more general principles and mechanisms of host-pathogen interactions, which can be extended beyond the bark-beetle system interactions.

Microbial symbionts represent an internal control of the bark beetle system that regulates the surpassing of thresholds which lead to epidemic eruptions. Studying the genomic background of the bark beetle system is a bottom-up approach to the study of system dynamics at endemic and epidemic levels. It should be recognized, considered and integrated into studies of pathogen outbreaks on higher levels of scale, such as environmental studies or generating genomics-enhanced modeling tools for environmental risk predictions.

## 10.2. Pomen za razvoj Slovenije<sup>11</sup>

SLO

Učinki podnebnih sprememb na gozdove in gozdarstvo v Evropi bodo mnogovrstni in kompleksni. Te spremembe bodo nadalje učinkovale na družbeno blagostanje preko ekonomije in mednarodne konkurence. Višje temperature, naraščanje atmosferske koncentracije CO<sub>2</sub>, spremembe v količini padavinah, poplave, trajanje in pogostosti suš lahko vplivajo na ekosisteme posredno prek abiotičnih motenj, kot so spremembe v pojavnosti požarov, spremembe v pogostosti in intenzivnosti neurij, in biotskih motenj, kot npr. pogostost in posledice izbruhov patogenov in bolezni. Vse spremembe v okolju bodo močno vplivale na gozdni ekosistem. Zgoraj so navedeni uvodni stavki poročila Evropski komisiji v novembru, 2008 (European Commission Directorate-General for Agriculture and Rural Development: Impacts of Climate Change on European Forests and Options for Adaptation (Lindner et al., 2008).)

Trenutni ukrepi za nižanje gospodarske škode, ki jo povzroča lubadar *Ips typographus* in drugi podlubniki nadzorujejo aktivnosti hrošča s poseki in gospodarskimi sečnjami okuženih sestojev. S temi ukrepi želijo odstraniti mesta razmnoževanja, kot so oslabiljena drevesa, vetrolomi, in les v katerem lubadarji prezimujejo. V uporabi so gozdarske tehnike, katerih cilj je povečanje stabilnosti in vitalnosti gozdnih sestojev. Populacije hroščev nadzorujejo tudi z uporabo feromonskih pastí. Nekateri od navedenih ukrepov pa imajo negativne učinke na gozdne ekosisteme (sečnja in odstranitev okuženih dreves upočasnjuje obnovljanje ekosistema). Prav tako je težko vzpostaviti enotne ukrepe v različnih bioklimatskih zonacijah in različnih tipih gozdnih ekosistemov.

Zlasti v Evropi obstaja veliko pomanjkanje celovitih genomskih študij komponent v sistemu podlubnikov. Obsežni genomske podatki o podlubnikih, z njimi povezanih glivah in gostiteljskih drevesih iglavcev bodo prispevali k poglobljenemu razumevanju dinamike odnosov med

gostitelji in patogeni. To bo omogočilo razvoj izboljšanih, z genomiko-podprtih modelov napovedi okoljskega tveganja ter trajnostni razvoj in upravljanje gospodarskih gozdov ter ohranjanje nekomercialnih gozdnih ekosistemov in biotske raznovrstnosti. Predstavljeni projekt je popolnoma usklajen z nacionalnim raziskovalnim in razvojnim programom. Znanosti o življenju in zdravju sta prednostni področji z obetom ekonomskih koristi z najvišjimi dodanimi vrednostmi, kakor je tudi ugotovljeno v slovenski Resoluciji o nacionalnem in razvojnem programu (ReNRRP). Vlaganje v raziskave v genomiki in biotehnologiji za zdravje je prva prioriteta javnega poziva in predlagani projekt jo v popolnosti izpolnjuje.

V predlaganem projektu smo vzpostavili trdno sodelovanje z uglednimi mednarodnimi raziskovalnimi skupinami. Naši sodelavci z University of British Columbia v Vancouveru ter University of Guelph (Ontario) v Kanadi, so vodilni v raziskavah genomike zdravja gozdov. Rezultate naših raziskav nameravamo združiti tudi v prihodnosti, in s tem dodati globino razumevanju genomskega ozadja sistema podlubnikov na različnih celinah, kot tudi okrepiti naše sodelovanje.

ANG

The impacts of climate change on forests and forestry in the Europe will be manifold and complex. These changes will of course further effect social well-being through economy and international competitiveness. Higher temperatures, increasing atmospheric CO2 concentration, and changes in precipitation and droughts will have associated consequences for abiotic (e.g. fires, storms) and biotic disturbances (frequency and consequences of pathogen outbreaks). All consequent environmental changes will have strong implications for forest ecosystems. The above are introductory statements of a November 2008 report to the European Commission Directorate-General for Agriculture and Rural Development: Impacts of Climate Change on European Forests and Options for Adaptation (Lindner et al., 2008).

Currently, measures against damage by *Ips typographus* and other bark beetle species seek to control beetle activity with comprehensive salvage logging and large-scale commercial harvesting of infested stands in order to remove all potential breeding materials such as weakened trees, windthrows and logs with bark before the new generation of adult beetles emerge. Additionally, silvicultural techniques are adopted, aimed at increasing the stability and vitality of forest stands. The use of pheromone-baited traps or trap trees has also been used to trap and suppress beetle populations and prevent outbreak conditions. Several of these measures, however, have negative effects on forest ecosystems (e.g. salvage logging delays forest recovery). Uniform measures throughout Europe are difficult to administer because of the varied bioclimactic zonations and different forest types.

There is a great lack of comprehensive genomic studies of bark beetle system components, especially in Europe. A strong genomic background of bark beetles associated pathogenic fungi and host conifer trees would without a doubt contribute to a deeper understanding of host-pathogen dynamics. It would allow for the development of genomics enhanced environmental risk modeling predictions and sustainable development and management of commercial forests and preservation of non-commercial forest ecosystems and biodiversity. The proposed research agrees completely with the national research and development program. The field of life sciences and health is a priority field with great economic promises and the highest added value, as already designated in the Slovenian National and Developmental Resolution program. Investment in genomic and biotechnology research for health is the priority of the public appeal, and the proposed project fulfils it entirely.

In the proposed project we have established a firm cooperation with distinguished international research groups. Our collaborators from the University of British Columbia in Vancouver and University of Guelph (Ontario), Canada, head world leading research in forest health genomics. We intend to integrate the results of our studies also in the future which will add depth to our understanding of the genomic background of the bark beetle system across continents, as well as strengthen our collaboration efforts.

**11.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		
<b>F.01</b>	<b>Pridobitev novih praktičnih znanj, informacij in veščin</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.02</b>	<b>Pridobitev novih znanstvenih spoznanj</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.03</b>	<b>Večja usposobljenost raziskovalno-razvojnega osebja</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.04</b>	<b>Dvig tehnološke ravni</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.05</b>	<b>Sposobnost za začetek novega tehnološkega razvoja</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.06</b>	<b>Razvoj novega izdelka</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.07</b>	<b>Izboljšanje obstoječega izdelka</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.08</b>	<b>Razvoj in izdelava prototipa</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.09</b>	<b>Razvoj novega tehnološkega procesa oz. tehnologije</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE

	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.10</b>	<b>Izboljšanje obstoječega tehnološkega procesa oz. tehnologije</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.11</b>	<b>Razvoj nove storitve</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.12</b>	<b>Izboljšanje obstoječe storitve</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.13</b>	<b>Razvoj novih proizvodnih metod in instrumentov oz. proizvodnih procesov</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.14</b>	<b>Izboljšanje obstoječih proizvodnih metod in instrumentov oz. proizvodnih procesov</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.15</b>	<b>Razvoj novega informacijskega sistema/podatkovnih baz</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.16</b>	<b>Izboljšanje obstoječega informacijskega sistema/podatkovnih baz</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.17</b>	<b>Prenos obstoječih tehnologij, znanj, metod in postopkov v prakso</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>

<b>F.18</b>	<b>Posredovanje novih znanj neposrednim uporabnikom (seminarji, forumi, konference)</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.19</b>	<b>Znanje, ki vodi k ustanovitvi novega podjetja ("spin off")</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.20</b>	<b>Ustanovitev novega podjetja ("spin off")</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.21</b>	<b>Razvoj novih zdravstvenih/diagnostičnih metod/postopkov</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.22</b>	<b>Izboljšanje obstoječih zdravstvenih/diagnostičnih metod/postopkov</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.23</b>	<b>Razvoj novih sistemskih, normativnih, programskih in metodoloških rešitev</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.24</b>	<b>Izboljšanje obstoječih sistemskih, normativnih, programskih in metodoloških rešitev</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.25</b>	<b>Razvoj novih organizacijskih in upravljavskih rešitev</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.26</b>	<b>Izboljšanje obstoječih organizacijskih in upravljavskih rešitev</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE

	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.27</b>	<b>Prispevek k ohranjanju/varovanje naravne in kulturne dediščine</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.28</b>	<b>Priprava/organizacija razstave</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.29</b>	<b>Prispevek k razvoju nacionalne kulturne identitete</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.30</b>	<b>Strokovna ocena stanja</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.31</b>	<b>Razvoj standardov</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.32</b>	<b>Mednarodni patent</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.33</b>	<b>Patent v Sloveniji</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.34</b>	<b>Svetovalna dejavnost</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.35</b>	<b>Drugo</b>	

Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
Rezultat	<input type="text"/>
Uporaba rezultatov	<input type="text"/>

**Komentar**


**12.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	
<b>G.01</b>	<b>Razvoj visokošolskega izobraževanja</b>					
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"/>	
<b>G.02</b>	<b>Gospodarski razvoj</b>					
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"/>	
<b>G.03</b>	<b>Tehnološki razvoj</b>					
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"/>	
<b>G.04</b>	<b>Družbeni razvoj</b>					
G.04.01	Dvig kvalitete življenja	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.04.02.	Izboljšanje vodenja in upravljanja	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.04.03.	Izboljšanje delovanja administracije in javne uprave	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	



G.04.04.	Razvoj socialnih dejavnosti	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.04.05.	Razvoj civilne družbe	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.04.06.	Drugo:	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
<b>G.05.</b>	<b>Ohranjanje in razvoj nacionalne naravne in kulturne dediščine in identitete</b>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
<b>G.06.</b>	<b>Varovanje okolja in trajnostni razvoj</b>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
<b>G.07</b>	<b>Razvoj družbene infrastrukture</b>					
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"/>	
<b>G.08.</b>	<b>Varovanje zdravja in razvoj zdravstvenega varstva</b>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
<b>G.09.</b>	<b>Drugo:</b>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	

**Komentar**

--

**13.Pomen raziskovanja za sofinancerje<sup>12</sup>**

	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		

**14.Izjemni dosežek v letu 2012<sup>13</sup>****14.1. Izjemni znanstveni dosežek**

Grosmannia clavigera je asociativna gliva podlubnika Dendroctonus ponderosae in patogen na boru Pinus contorta, ki mora biti odporna na terpenoidne smole in fenolne obrambne spojine gostiteljskega drevesa. Gliva se odzove na vdor monoterpenov s komplementarnimi mehanizmi, ki vključujejo izčrpavanje ter uporabo teh snovi kot vir ogljika. Identificirali in filogenetsko opredelili smo citokrome P450 (CYP) glive G. clavigera, ki so vključeni v metabolizem

gostiteljevih obrambnih spojin. Analizirali smo transkriptomске podatke (RNA-seq) za ekspresijo teh genov po tretiranju s terpeni. Analizirali smo tudi transkriptom glive, ki smo jo gojili na monoterpenih oziroma maščobnih kislinah kot virih ogljika, z namenom ugotoviti kateri CYP geni so verjetno vključeni v razgradnjo teh spojin in s tem njihovo uporabo kot vir hrane. Končno smo ugotovili tudi gruče genov, ki so vključene v sintezo sekundarnih metabolitov ter gruče, ki sodelujejo pri pretvorbi drevesnih spojin.

## 14.2. Izjemni družbeno-ekonomski dosežek

--

## C. IZJAVE

Podpisani izjavljam/o, da:

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

### Podpisi:

*zastopnik oz. pooblaščen oseba  
raziskovalne organizacije:*

in

*vodja raziskovalnega projekta:*

Kemijski inštitut

Ljerka Lah

### ŽIG

Kraj in datum: 

Ljubljana	11.3.2013
-----------	-----------

### Oznaka prijave: ARRS-RPROJ-ZP-2013/202

<sup>1</sup> Opredelite raziskovalno področje po klasifikaciji FOS 2007 (Fields of Science). Prevajalna tabela med raziskovalnimi področji po klasifikaciji ARRS ter po klasifikaciji FOS 2007 (Fields of Science) s kategorijami WOS (Web of Science) kot podpodročji je dostopna na spletni strani agencije (<http://www.arrs.gov.si/sl/gradivo/sifranti/preslik-vpp-fos-wos.asp>). [Nazaj](#)

<sup>2</sup> Napišite povzetek raziskovalnega projekta (največ 3.000 znakov v slovenskem in angleškem jeziku) [Nazaj](#)

<sup>3</sup> 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](#)

<sup>4</sup> Realizacija raziskovalne hipoteze. Največ 3.000 znakov vključno s presledki (približno pol strani, velikost pisave 11) [Nazaj](#)

<sup>5</sup> 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](#)

<sup>6</sup> 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](#)

<sup>7</sup> 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](#)

<sup>8</sup> Navedite rezultate raziskovalnega projekta iz obdobja izvajanja projekta (do oddaje zaključnega poročila) v primeru, da katerega od rezultatov ni mogoče navesti v točkah 7 in 8 (npr. ker se ga v sistemu COBISS ne vodi). Največ 2.000 znakov, vključno s presledki. [Nazaj](#)

<sup>9</sup> 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](#)

<sup>10</sup> Največ 4.000 znakov, vključno s presledki [Nazaj](#)

<sup>11</sup> Največ 4.000 znakov, vključno s presledki [Nazaj](#)

<sup>12</sup> 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](#)

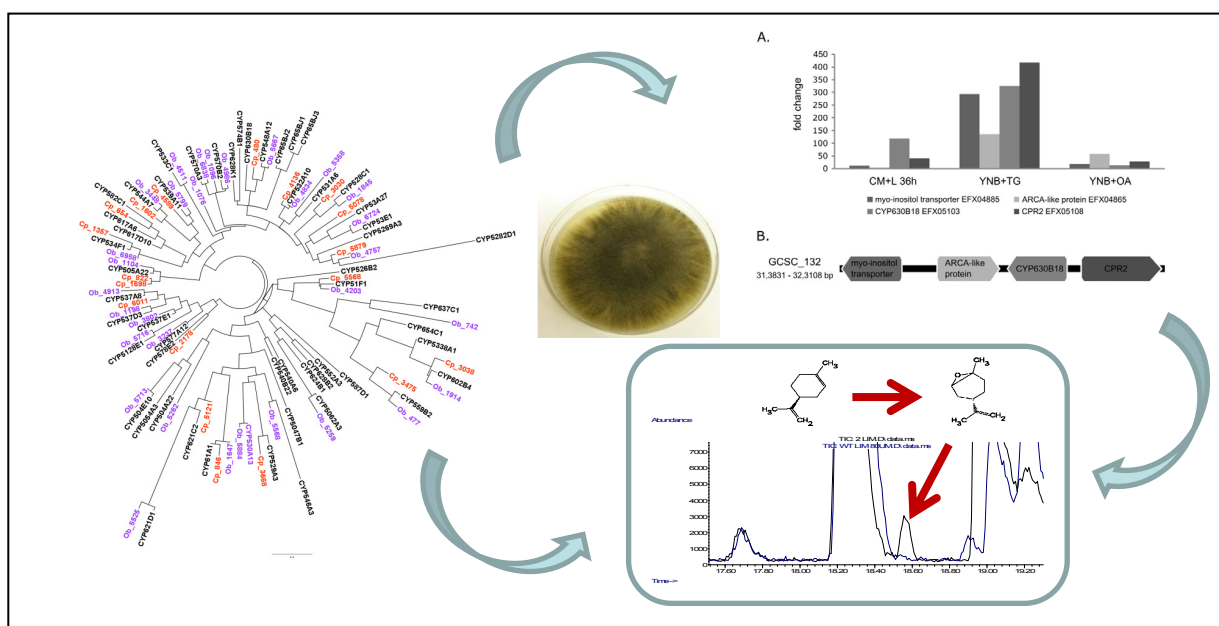
<sup>13</sup> Navedite en izjemni znanstveni dosežek in/ali en izjemni družbeno-ekonomski dosežek raziskovalnega projekta v letu 2012 (največ 1000 znakov, vključno s presledki). Za dosežek pripravite diapozitiv, ki vsebuje sliko ali drugo slikovno gradivo v zvezi z izjemnim dosežkom (velikost pisave 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/2013 v1.00  
D2-2F-8B-0E-A7-BF-7D-75-BD-09-6D-94-A3-E3-EB-FD-D8-09-65-87

## 4. BIOTEHNIKA

### 4.06 Biotehnologija

GENOMSKI IN TRANSKRIPTOMSKI PODATKI ZA FUNKCIJSKO KARAKTERIZACIJO CITOKROMOV P450, VKLJUČENI V PATOGENEZO ASOCIATIVNIH GLIV PODLUBNIKOV. Vir: LAH, Ljerka, HARIDAS, Sajeet, BOHLMANN, Joerg, BREUIL, Colette. The cytochromes P450 of *Grosmannia clavigera*: genome organization, phylogeny, and expression in response to pine host chemicals. *Fungal genet. biol.*, 2013, vol. 50, str. 72-81.



*Grosmannia clavigera* je asociativna gliva podlubnika *Dendroctonus ponderosae* in patogen na boru *Pinus contorta*, ki mora biti odporna na terpenoidne smole in fenolne obrambne spojine gostiteljskega drevesa. Gliva se odzove na vdor monoterpenov s komplementarnimi mehanizmi, ki vključujejo izčrpavanje ter uporabo teh snovi kot vir ogljika. Identificirali in filogenetsko opredelili smo citokrome P450 (CYP) glive *G. clavigera*, ki so vključeni v metabolizem gostiteljevih obrambnih spojin. Analizirali smo transkriptomske podatke (RNA-seq) za ekspresijo teh genov po tretiranju s terpeni. Analizirali smo tudi transkriptom glive, ki smo jo gojili na monoterpenih oziroma maščobnih kislinah kot virih ogljika, z namenom ugotoviti kateri CYP geni so verjetno vključeni v razgradnjo teh spojin in s tem njihovo uporabo kot vir hrane. Končno smo ugotovili tudi gruče genov, ki so vključene v sintezo sekundarnih metabolitov ter gruče, ki sodelujejo pri pretvorbi drevesnih spojin.