

Oznaka poročila: ARRS-RPROJ-ZP-2015/63



ZAKLJUČNO POROČILO RAZISKOVALNEGA PROJEKTA

A. PODATKI O RAZISKOVALNEM PROJEKTU

1. Osnovni podatki o raziskovalnem projektu

Šifra projekta	J1-4268
Naslov projekta	FUNKCIJSKA GENOMIKA INTERAKCIJE MED KROMPIRJEM IN PVY
Vodja projekta	3765 Jana Žel
Tip projekta	J Temeljni projekt
Obseg raziskovalnih ur	7159
Cenovni razred	D
Trajanje projekta	07.2011 - 06.2014
Nosilna raziskovalna organizacija	105 Nacionalni inštitut za biologijo
Raziskovalne organizacije - soizvajalke	104 Kemijski inštitut 1539 Univerza v Ljubljani, Fakulteta za računalništvo in informatiko
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

V naravi so rastline izpostavljene številnim okoljskim dejavnikom, ki vključujejo napade virusov, bakterij, gliv in ostalih patogenov. Za zaščito rastlin pred napadi patogenih organizmov, je potrebno dobro razumevanje interakcije med rastlino in patogenom. V

našem primeru smo se osredotočili na krompir in krompirjev virus YNTN (PVY^{NTN}), ki na krompirju povzroča precejšnjo škodo ter tako zmanjšuje količino pridelka in njegovo kvaliteto.

Najprej smo želeli potrditi in/ali zavrniti vlogo posameznih genov v obrambnem odzivu krompirja po okužbi s PVY^{NTN} z uporabo pristopa funkcijske genomike. Za doseg tega cilja smo pripravili različne konstrukte z izbranimi geni (beta-1,3-glukanaza razreda 3 (Glu-III), krompirjev cisteinski proteinazni inhibitor (PCPI), izbrane proteinske kinaze (WIPK, MEK in MKP) in na etilen odzivni faktor (ERF)). Pripravljeni konstrukti so omogočali bodisi povečano izražanje izbranega gena, bodisi njegovo utišanje, ob fuziji s fluorescentnimi reporterji pa tudi znotrajcelično lokalizacijo. Ti konstrukti so bili uporabljeni za stabilne in prehodne transformacije krompirja. Poleg na novo transformiranih rastlin smo v poskuse vključili tudi že obstoječe mutante in transformirane linije s spremembami določenih genov, ki še niso bili ovrednoteni v virusnih interakcijah. Da bi omogočili hitrejšo ovrednotenje vloge širše množice genov v interakciji krompir-virus, smo razvili tudi nov pristop visoko zmogljive prehodne transformacije. Pridobljeni rezultati so pokazali, da imajo nekateri geni v interakcijo zelo pomembno vlogo (npr. Glu-III in proteinske kinaze), medtem ko za PCPI neposredne vloge nismo uspeli potrditi.

Naslednja stopnja je bila osvetlitev interakcije krompir-PVY iz perspektive malih RNA (sRNA). V sekvenciranje smo poslali vzorce različno občutljivih kultivarjev krompirja okuženih s PVY in slepo okuženih. Pridobljeni rezultati so pokazali na raznolik odziv različnih krompirjev na okužbo z virusom na nivoju sRNA. Zaradi slabših rezultatov sekvenciranja s sistemom Solid in ponovnega sekvenciranja teh vzorcev, rezultati še niso bili objavljeni. S pomočjo vseh izvedenih analiz smo tako razvili podroben postopek poteka dela za celovito analizo sRNA z detekcijo, pripisovanjem funkcij in kvantifikacijo (tudi za novo odkrite sRNA).

Najpomembnejši cilj je bil integracija vseh dobljenih podatkov. Transkriptomске podatke, pridobljene z mikromrežami, smo preko identifikatorjev v bazi GoMapMan uspešno povezali z rezultati analiz sRNA. Tako smo odkrili precej povezav med sRNA in tarčnimi geni, tudi na nivoju genov pomembnih za rezistenco krompirja na virus. Z vnosom teh podatkov v računalniški model interakcije smo omogočili izpopolnitev modela. Ta kompleksen in sistematski pristop nam je omogočil poglobljeno vedenje o interakciji in odzivih odpornosti pri pomembni poljščini in pomembnem patogenu. Pridobljeni rezultati projekta bodo tako služili kot osnova za identifikacijo možnih strategij za obvarovanje rastlin, potrebnih za vzgojo na virus odpornih sort krompirja.

ANG

In nature, plants are exposed to many environmental factors, including attacks of viruses, bacteria, fungi and other pathogens. To protect plants against pathogen attacks, good understanding of the interaction between plant and pathogen is needed. In our case, we focused on potato and potato virus Y^{NTN} (PVY^{NTN}), which causes considerable damage to potatoes, thus reducing the yield and its quality.

First, we wanted to confirm and / or reject the role of individual genes in the defence response after potato PVY^{NTN} infection using a functional genomics approach. To achieve this goal, we have prepared constructs with selected genes (beta-1,3-glucanase Class 3 (Glu-III), potato cysteine proteinase inhibitor (PCPI), selected protein kinases (WIPK, MEK and MKP) and ethylene response factor (ERF)). The constructs allowed either over-expression of selected gene or its silencing and also intracellular localization in fusion with fluorescent reporters. These constructs were used for stable and transient transformation of potatoes. In addition to the newly transformed plants, we also included pre-existing mutants and transformed line with changes in certain genes that have not yet been evaluated in viral interactions. To enable faster evaluation of the role of variety of genes in potato-virus interaction, we have developed a new approach for high-throughput transient transformation. The results obtained showed that some genes play a very important role in the interaction (e.g. Glu-III, and a protein kinase), while we

were unable to confirm the direct role of PCPI.

The next stage was approaching the potato-PVY interaction from the perspective of small RNAs (sRNA). The samples of different sensitive cultivars of potatoes infected with PVY and mock samples were sent to sequencing. The results obtained showed a multi-faceted response of different potato cultivars at the level of sRNAs. Due to poor results of sequencing with The SOLiD system and need for re-sequencing of these samples, the results have not yet been published. With the help of all analyzes performed, we also developed a detailed process workflow for a comprehensive analysis of sRNAs, with detection, quantification and annotation (including newly discovered sRNAs).

The main objective of the project was to integrate all of the data obtained. Transcriptomic data obtained with microarrays, as successfully connected with the results of the sRNA analyzes through identifiers in the GoMapMan database. Thus, we identified a number of connections between the sRNAs and the target genes at the level of genes important for resistance to PVY. By entering this data into a computer model of the interaction we have enabled the refinement of the model. This complex and systematic approach has enabled us an in-depth understanding of the interactions and reactions of resistance in major crop and important pathogen. The obtained results of the project will also serve as a basis for identifying possible strategies for the preservation of plants and necessary for the breeding of virus resistant potato varieties.

3. Poročilo o realizaciji predloženega programa dela na raziskovalnem projektu²

Cilj zaključenega projekta je bil izboljšati razumevanje interakcije med rastlino in patogenom, bolj specifično pridobiti globlji vpogled v interakcijo med krompirjem in njegovim patogenom, krompirjevim virusom Y (PVY). Skupaj s pristopom funkcijske genomike, visoko zmogljivimi metodologijami sistemske biologije in integrativne analize, smo ciljali proti temeljnemu in splošno uporabnemu znanju o interakciji ter potencialnim aplikativnim tarčam za zaščito rastlin.

S pristopom funkcijske genomike smo ovrednotili vlogo posameznih genov v tej interakciji. Na podlagi podatkov iz literature in eksperimentov, ki smo jih na Nacionalnem inštitutu za biologijo opravili v preteklih letih, smo naredili izbor genov, za katere smo predvidevali, da igrajo pomembno vlogo pri odgovoru krompirja na okužbo s PVY. Izbrani geni sodijo v skupino odzivnih faktorjev (kot so na primer na etilen odzivni faktorji, ERF), proteinskih kinaz (kot so na primer z mitogenom aktivirane proteinske kinaze, MAPK), skupina genov vpletenih v mehanizme utišanja genov (kot so na primer argonautni geni, AGO) ter končni efektorski geni (kot je na primer beta-glukanaza). Za izbrane gene smo opravili analize nukleotidnih zaporedij, na podlagi katerih smo zasnovali oligonukleotidne začetnike za pomnoževanje genov iz krompirjeve DNA. Izbrali smo plazmidne vektorje, s pomočjo katerih smo izbrane gene vnesli v rastline.

V sodelovanju z Institute of Biochemistry and Biophysics (IBB) iz Poljske, smo se osredotočili na lokalizacijske študije izbranih proteinskih kinaz (WIPK, MEK in MKP). Opravili smo tudi lokalizacijske študije za gen beta-1,3-glukanaze razreda 3 (Glu-III). V modelnih rastlinah *Nicotiana benthamiana*, ki smo jih uporabili zaradi učinkovitejše prehodne transformacije, smo določali lokacijo posameznih kinaz, ki smo jih predhodno označili s fluorescentnimi proteini. Vektorji, ki so bili uporabljeni za transformacijo vsebujejo močan promotor 35S, kar lahko povzroči določene artefakte pri opazovanju lokacije proteinov. Zato smo v namen potrditve pridobljenih rezultatov pripravili tudi konstrukte z nativnimi promotorji. Lokalizacijo smo spremljali s konfokalnim mikroskopom v sodelovanju s Kemijskim inštitutom. Da smo lahko tehniko konfokalnega mikroskopiranja kar najbolj izkoristili, smo vzpostavili sistem za opazovanje rastlinskih vzorcev pod konfokalnim mikroskopom, kjer smo testirali uporabo različnih fluorescentnih proteinov za označevanje produktov izbranih genov.

Pripravili smo tudi stabilno transformirane rastline krompirja s povečanim izražanjem gena za Glu-III in krompirjevega cisteinskega proteinaznega inhibitorja (PCPI). Te rastline smo uporabili v biotestih, kjer smo jih okužili z virusom PVY^{NTN}. V okuženih rastlinah smo opazovali vpliv povečanega izražanja obeh genov na pomnoževanje in širjenje virusa v rastlinah. Analize pobranih vzorcev so pokazale spremembe pri hitrosti sistemskega širjenja virusa v primerjavi s slepo okuženimi rastlinami. Na istih vzorcih smo izvedli še transkriptomске analize, kjer smo spremljali izražanje izbranih markerskih genov. Tudi na

nivoju izražanja genov smo opazili razlike med transgenimi in netransgenimi rastlinami. Rezultati tega dela raziskav so bili predstavljeni na znanstvenih srečanjih, prav tako pa je bil znanstveni članek o funkciji Glu-III v interakciji med krompirjem in PVY objavljen v reviji *Plant Biotechnology Reports*. Študije, ki smo jih opravili na izbranih proteinskih kinazah (WIPK, MEK in MKP) so pokazale, da le-te igrajo pomembno vlogo ob virusni okužbi. Rezultati za MEK so bili objavljeni v znanstvenem članku v reviji *Plos ONE*. Rezultati študij z WIPK in MKP bodo objavljeni v drugem članku, ki je trenutno v pripravi. Rezultati so bili delno predstavljeni tudi na znanstvenih srečanjih. Pri poizkusih z rastlinami krompirja s povečanim izražanjem krompirjevega cisteinskega proteinaznega inhibitorja (PCPI), nismo zaznali vpliva, ki bi ga ta gen imel na širjenje virusa, tako da znanstvena objava teh rezultatov ni bila mogoča.

Bioteste smo izvedli tudi na transgenih rastlinah, ki smo jih dobili od tujih partnerjev (poljskega IBB in Leibniz Institute of Plant Biochemistry iz Nemčije). Vzorce iz teh poizkusov smo uporabili za transkriptomске študije, natančneje za hibridizacije na mikromrežah. Z analizo podatkov smo pridobili informacije o statistično značilnih spremembah v izražanju velikega števila genov. Odločili smo se, da bomo te podatke uporabili za združevanje s podatki sekvenciranja malih RNA, saj bomo tako lahko prepoznali pomembne gene in regulatorje genov ter povezave med njimi v interakciji krompir-virus.

Eden izmed ciljev projekta je bil tudi razvoj pristopov visoko zmogljivih prehodnih transformacij, ki bodo omogočili hitrejše ovrednotenje širše množice genov v interakciji krompir-virus. Od prof. Visserja iz Wageningen University and Research Centre, smo pridobili več različnih divjih sorodnikov krompirja, ki so bolj dovzetni za utišanje genov in za prehodne transformacije. Te divje sorodnike smo preverili na dovzetnost okužbe s PVY^N-GFP, ki predstavlja krompirjev virus Y^N označen z zelenim fluorescentnim proteinom (GFP), kar omogoča spremljanje njegovega pomnoževanja in lokacije v celicah. Za nadaljnje poizkuse smo izbrali dve liniji vrste *Solanum venturii*, pri katerih se je označen virus nemoteno pomnoževal in širil po rastlini. Za divje sorodnike krompirja smo preverili tudi, kako se odzovejo na okužbo s PVY^{NTN}. Vlogo izbranih genov (ERF1, PT15, WIPK, MEK in MKP) smo se odločili preveriti tudi z uporabo sistema utišanja genov s pomočjo virusnega vektorja TRV. Uspešno smo pomnožili fragmente izbranih genov in jih klonirali v plazmide s pomočjo katerih smo pripravili končne konstrukte za utišanje genov. Rastline z utišanimi geni smo okužili s PVY^N-GFP ter nato spremljali namnoževanje in širjenje virusa v sodelovanju s Kemijskim inštitutom z njihovim konfokalnim mikroskopom. Za gen PT15 smo pokazali, da ima pomemben vpliv na širjenje virusa, medtem ko utišanje gena WIPK ni imelo vpliva na širjenje. Poizkusi za gena MEK in MKP so pokazali vpliv na širjenje virusa, vendar je rezultate potrebno potrditi še z drugim setom testiranja. Objava testiranja divjih sorodnikov krompirja s sistemom za z virusom posredovano utišanje genov, njihovih interakcij z dvema različkoma PVY in končnimi rezultati utišanja za vsaj en gen (predvidoma MEK), bo v sodelovanju z Wageningen University and Research Centre (Nizozemska) najverjetneje realizirana letos.

Interakcijo med krompirjem in virusom smo preučili tudi na nivoju malih RNA. Za sekvenciranje malih RNA (sRNA) smo v začetku izbrali takšne vzorce, za katere smo pričakovali, da bodo razlike med okuženimi in neokuženimi največje. Za sekvenciranje smo izbrali sistem Solid. Surovi podatki, ki smo jih pridobili, sami po sebi niso primerni za analize, saj vsebujejo še zaporedja adaptorjev. Za odstranitev adaptorjev smo preizkusili različne metode ter v nadaljevanju uporabljali le najuspešnejšo. Na tem področju smo sodelovali s Fakulteto za računalništvo in informatiko.

Sekvenciranje sRNA s sistemom Solid, smo opravili za en kultivar krompirja (Desiree, toleranten na PVY^{NTN}). Ti podatki so bili analizirani, tako da smo pridobili rezultate o diferencialno izraženih sRNA po okužbi z virusom PVY^{NTN}. Da bi pridobili boljši vpogled v vpletenost posameznih genov, smo pripravili knjižnice sRNA še iz transgenega Desiree (poljskega IBB), ki je občutljiv na PVY^{NTN} in odpornega kultivarja PW. Knjižnice smo poslali v sekvenciranje s sistemom Illumina. Tudi iz teh podatkov smo pridobili set diferencialno izraženih sRNA po okužbi z virusom PVY^{NTN}. Vsi trije različni krompirji so imeli nekaj skupnih sRNA, ki so bile diferencialno regulirane, vendar ne v iste smeri, vsak vzorec pa je imel tudi nekaj individualnih sRNA. Za lažjo vizualizacijo smo uporabili tudi orodje MapMan, s katerim smo lahko na pregleden način vizualizirali procese, v katerih sodelujejo analizirane sRNA. Nadaljnja analiza je vključevala iskanje tarč sRNA, kjer smo

za vsak set podatkov pridobili po nekaj sto zanimivih genov. Rezultate izražanja sRNA in iskanja tarč smo nato preko uporabe GoMapMan baze povezali z unikatnimi identifikatorji, preko katerih smo lahko te podatke povezali z rezultati iz mikromrež ter tako omogočili integrativno analizo. Prav tako smo iz podatkov uspeli pridobiti nekaj novih še neopisanih sRNA. Rezultati so bili delno predstavljeni že na več znanstvenih srečanjih v obliki predavanj. Ker so se kot zanimiva skupina sRNA pokazale tudi trans aktivne male interfirajoče RNA (ta-siRNA) smo opravili še analizo ta-si lokusov. Ob tej analizi smo ugotovili, da so rezultati sekvenciranja s Solid tehnologijo v primerjavi z Illumino dokaj slabi ter smo se odločili, da ob zaključku projekta vseeno opravimo ponovno sekvenciranje vzorcev Desiree še s sistemom Illumina. Ta odločitev je objavo rezultatov zamaknila v drugo polovico leta 2015, vendar smo prepričani, da smo tako prišli do kakovostnejših rezultatov in tudi zanesljivejših končnih ugotovitev. S pomočjo vseh izvedenih analiz smo tako razvili podroben postopek poteka dela za celovito analizo sRNA z detekcijo, pripisovanjem funkcij in kvantifikacijo (tudi za novo odkrite sRNA). V okviru sodelovanja z Institute of Biochemistry and Biophysics (IBB) iz Poljske, je bil realiziran obisk naše mlade raziskovalke v laboratoriju prof. Henniga, kjer je opravila pripravo nekaterih konstruktov za lokalizacijske študije ter se spoznala z delom na konfokalnem mikroskopu. Drugi mladi raziskovalec je opravil dvomesečno izobraževanje in delo v laboratoriju prof. Visserja v Wageningen University and Research Centre, kjer se je naučil uporabe tehnik prehodnih transformacij, za visoko zmogljivo preučevanje genov v interakciji krompir – *Phytophthora infestans*. Iz poljskega inštituta (IBB) ter iz Leibniz Institute of Plant Biochemistry iz Nemčije, smo dobili nekatere mutante krompirja, s katerimi smo izvajali bioteste.

Projekt je bil interdisciplinarno zasnovan, v njem so sodelovali Fakulteta za računalništvo in informatiko, Kemijski inštitut ter NIB. Sodelovanje je potekalo izredno uspešno in kooperativno. Prav tako je zelo uspešno potekalo sodelovanje z že omenjenimi partnerji v tujini.

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

Specifični cilji, ki smo si jih zastavili na začetku projekta so bili:

- Pridobiti nove informacije o vlogi posameznih genov v obrambnem odgovoru krompirja po okužbi s PVY^{NTN}
- Razviti pristop visoko zmogljive prehodne transformacije, ki bo omogočil hitrejše ovrednotenje širše množice genov v interakciji krompir-virus in za dvojne mutante
- Vključitev novih pristopov v študije interakcije krompir-PVY^{NTN} – vpletenost malih RNA
- Razvoj in uporaba specializiranih analitičnih orodij za določanje, opisovanje in kvantifikacijo novo odkritih malih RNA na osnovi podatkov sekvenciranja

Projekt je potekal po predvidenem planu in tudi zastavljeni cilji so bili realizirani. Pot do realizacije ciljev je opisana v nadaljevanju

a.

S transformacijo rastlin (stabilno in prehodno) ter njihovo uporabo v biotestih smo pridobili informacije o vlogi posameznih genov v obrambnem odgovoru krompirja na PVY^{NTN}. Pomembno vlogo gena za beta-1,3-glukanazo v interakciji med krompirjem in PVY smo potrdili preko transformacije rastlin krompirja. Ob zaključku projekta smo prav tako pridobili rezultate o vlogi še drugih izbranih genov (MEK, WIPK, MKP) v interakciji med krompirjem in PVY (z uporabo transformiranih rastlin in z uporabo že pripravljenih mutant) in tako uresničili enega izmed končnih ciljev projekta.

b.

Sistem prehodnih transformacij smo v sodelovanju s prof. Visserjem iz Wageningen University and Research Centre, prenesli v naš laboratorij in razvili nov pristop, ki nam omogoča ovrednotenje vloge množice genov v interakciji krompir-virus. Za ta namen smo kot testno rastlino, preko obsežnih testov, izbrali divjega sorodnika krompirja *Solanum venturii*, poleg tega pa smo uporabili na novo razvit fluorescentno označen PVY.

c.

Vpletenost malih RNA (sRNA) v interakciji krompir-PVY^{NTN} do sedaj še ni bila raziskana.

Uspelo nam je pridobiti podatke o profilih mikro RNA (miRNA) v različnih vzorcih in njihovih tarčah. Prav tako smo odkrili številne še neopisane miRNA. Podatke smo uspešno povezali z rezultati transkriptomskih študij in tako odkrili regulatorne povezave med sRNA in posameznimi geni. S pridobljenimi rezultati smo tako odprli nov nivo raziskav interakcije.

d.

Ta cilj je nadgradnja prejšnjega, s fokusom na novo odkritih sRNA. Razvili smo nove pristope za določanje, opisovanje in kvantifikacijo novo odkritih sRNA, saj preprosta orodja za analize podatkov iz krompirja še niso na voljo. Tako smo morali povezati nove ideje z že obstoječimi orodji. Kot rezultat nam je uspelo identificirati in analizirati tudi nove sRNA, ki pri drugih vrstah in tudi pri krompirju še niso bile zaznane in opisane.

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

Ni sprememb.

6.Najpomembnejši znanstveni rezultati projektne skupine⁵

		Znanstveni dosežek	
1.	COBISS ID	2492751	Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO	Dinamika odzivov v kompatibilni interakciji krompir – krompirjev virus Y je modulirana s salicilno kislino
		ANG	Dynamics of responses in compatible potato - potato virus Y interaction are modulated by salicylic acid
	Opis	SLO	Da bi raziskali dinamiko kompatibilne interakcije krompir - krompirjev virus Y (PVY), v zvezi z nadzorovanimi potmi salicilne kisline, smo izvedli poskuse z uporabo ne-transgenih krompirjev sorte Desiree, transgene sorte NahG-Desiree, sorte Igor in PVYNTN, najbolj agresiven sev PVY. Pomen salicilne kisline za virusno namnoževanje in razvoj simptomov je bil potrjen z razvojem izrazitih simptomov pri NahG-Desiree in preko povratnega učinka po škropljenju z 2,6-dikloroisonikotinsko kislino (analog salicilne kisline). Za spremljanje virusnega namnoževanja, kot tudi rastlinskega odgovora s pomočjo izražanja izbranih genov (markerjev za fotosintetsko aktivnost in metabolizem ogljikovih hidratov in obrambni), smo uporabili kvantitativen PCR. Virusno namnoževanje je bilo najpočasnejše v inokuliranem krompirju sorte Desiree, edinem asimptomatskem genotipu v študiji. Intenzivnost izražanja obrambnih genov je veliko močnejša v obeh občutljivih genotipih (NahG-Desiree in Igor) na mestu inokulacije, kot pri asimptomatskih rastlinah (Desiree). Simptomatska in asimptomatska fenotipa sta se razlikovala v izražanju genov za fotosintezi in genih metabolizma ogljikovih hidratov. Vzorec različnega izražanja genov dveh občutljivih genotipov kaže, da se interakcija ne opira zgolj na eno regulativno komponento, da pa so lahko podobne fenotipske lastnosti posledica različnih odzivov na molekularnem nivoju.
		ANG	To investigate the dynamics of the potato – Potato virus Y (PVY) compatible interaction in relation to salicylic acid - controlled pathways we performed experiments using non-transgenic potato cv. Désirée, transgenic NahG-Désirée, cv. Igor and PVYNTN, the most aggressive strain of PVY. The importance of salicylic acid in viral multiplication and symptom development was confirmed by pronounced symptom development in NahG-Désirée, depleted in salicylic acid, and reversion of the effect after spraying with 2,6-dichloroisonicotinic acid (a salicylic acid - analogue). We have employed quantitative PCR for monitoring virus multiplication, as well as plant responses through expression of selected marker genes of

		<p>photosynthetic activity, carbohydrate metabolism and the defence response. Viral multiplication was the slowest in inoculated potato of cv. Désirée, the only asymptomatic genotype in the study. The intensity of defence-related gene expression was much stronger in both sensitive genotypes (NahG-Désirée and cv. Igor) at the site of inoculation than in asymptomatic plants (cv. Désirée). Photosynthesis and carbohydrate metabolism gene expression differed between the symptomatic and asymptomatic phenotypes. The differential gene expression pattern of the two sensitive genotypes indicates that the outcome of the interaction does not rely simply on one regulatory component, but similar phenotypical features can result from distinct responses at the molecular level.</p>
	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	2897999 Vir: COBISS.SI
	Naslov	<p><i>SLO</i> [Beta]-1,3-glukanaza razreda III spodbuja širjenje PVYNTN in izboljša proizvodnjo proteinov v rastlinah</p> <p><i>ANG</i> [Beta]-1,3-glucanase class III promotes spread of PVY^[sup]NTN and improves in planta protein production</p>
	Opis	<p><i>SLO</i> V naši raziskavi smo ocenili vlogo gena za beta-1,3 -glukanazo razreda III (Glu-III) v interakciji krompir-krompirjev virus YNTN (PVYNTN) in ugotovitve prenesli na področje rastlinske biotehnologije. Krompirja sorte Desiree, ki sje tolerantna in in Sante, ki je izredno odporna na PVYNTN, sta bila transformirana z Agrobacterium tumefaciens s konstruktom za povečano izražanje Glu-III . Lokalizacija proteina Glu-III točkovno na območju celične stene je bila določena posredno preko proteina Glu-III označenega z zelenim fluorescentnim proteinom. Razlike v širjenju virusa smo opazili med transgenimi linijami s povečanim izražanjem Glu-III in netransgenimi linijami, pri čemer smo opazili hitrejše in močnejše širjenje virusa v transgenem Desiree in nekaj namnoževanja v transgenem Sante. Dodatno smo preverili sposobnost, da Glu-III izboljša proizvodnjo proteinov v rastlinah po agroinfiltraciji. Rezultati so pokazali, da povečano izražanje Glu-III omogoči hitrejše širjenje vektorjev med celicami in boljšo proizvodnjo proteinov, kar bi lahko pomembno izboljšalo sistem za proizvodnjo proteinov v rastlinah z uporabo virusnih vektorjev.</p> <p><i>ANG</i> In our study, we have evaluated the role of the beta-1,3-glucanase class III (Glu-III) gene in the potato-potato virus YNTN (PVYNTN) interaction and implemented the findings to plant biotechnology application. Potato cultivars Desiree and Sante, which are tolerant and extremely resistant to PVYNTN, respectively, were stably transformed with Agrobacterium tumefaciens harbouring constructs for Glu-III overexpression. Localization of Glu-III protein in patches within the cell wall was determined by tagging the Glu-III protein with green fluorescent protein. Differences in viral spread were observed between transgenic lines overexpressing Glu-III and non-transgenic lines, with stronger and faster viral spread in transgenic Desiree, and some multiplication in transgenic Sante. In addition, the ability of Glu-III to improve in planta protein production after agroinfiltration was tested. The results have shown that Glu-III overexpression enables faster spreading of vectors between cells and better protein production, which could be beneficial in improving in planta protein production system using viral vectors.</p>
		Springer; Plant biotechnology reports; 2013; Vol. 7, iss. 4; str. 547-555; Impact Factor: 1.590; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact

	Objavljeno v	Factor: 1.988; WoS: DB, DE; Avtorji / Authors: Dobnik David, Baebler Špela, Kogovšek Polona, Pompe Novak Maruša, Štebih Dejan, Panter Gabriela, Janež Nikolaja, Morisset Dany, Žel Jana, Gruden Kristina	
	Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek	
3.	COBISS ID	3184719	Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO	Vpletenost MKK6 iz krompirja (<i>Solanum tuberosum</i> L.) v odzivu na krompirjev virus Y
		ANG	Involvement of potato (<i>Solanum tuberosum</i> L.) MKK6 in response to Potato virus Y
	Opis	SLO	Preučevali smo MAPK signalno mrežo, vpleteno v imunski odgovor krompirja na krompirjev virus Y (PVY). Najprej smo izvedli sekvenčno analizo družine MAPK kinaz (MKK) v krompirju, da smo identificirali tiste, ki so regulirane v preobčutljivostni reakciji. Med temi je bila StMCK6 najmočneje regulirana v odzivu na PVY. Tretiranje s salicilno kislino je razkrilo, da je StMCK6 močno regulirana s tem hormonom, kar je v skladu z domenami, ki so prisotni v StMCK6 promotorju. Vpletenost StMCK6 v odziv krompirja smo potrdili tudi z lokalizacijskimi študijami, kjer se je StMCK6 močno akumulirala v okuženih rastlinah, predvsem v jedru. Z metodo Y2H smo identificirali tarče StMCK6 v signalni kaskadi, in sicer StMAPK4_2, StMAPK6 in StMAPK13. Rezultati so pripomogli k boljšemu razumevanju StMCK6 signalnega modula in vpletenosti v obrambo krompirja.
		ANG	Mitogen-activated protein kinase (MAPK) cascades have crucial roles in the regulation of plant development and in plant responses to stress. Plant recognition of pathogen-associated molecular patterns or pathogen-derived effector proteins has been shown to trigger activation of several MAPKs. This then controls defence responses, including synthesis and/or signalling of defence hormones and activation of defence related genes. The MAPK cascade genes are highly complex and interconnected, and thus the precise signalling mechanisms in specific plant%pathogen interactions are still not known. Here we investigated the MAPK signalling network involved in immune responses of potato (<i>Solanum tuberosum</i> L.) to Potato virus Y, an important potato pathogen worldwide. Sequence analysis was performed to identify the complete MAPK kinase (MKK) family in potato, and to identify those regulated in the hypersensitive resistance response to Potato virus Y infection. Arabidopsis has 10 MKK family members, of which we identified five in potato and tomato (<i>Solanum lycopersicum</i> L.), and eight in <i>Nicotiana benthamiana</i> . Among these, StMCK6 is the most strongly regulated gene in response to Potato virus Y. The salicylic acid treatment revealed that StMCK6 is regulated by the hormone that is in agreement with the salicylic acid-regulated domains found in the StMCK6 promoter. The involvement of StMCK6 in potato defence response was confirmed by localisation studies, where StMCK6 accumulated strongly only in Potato-virus-Y-infected plants, and predominantly in the cell nucleus. Using a yeast two-hybrid method, we identified three StMCK6 targets downstream in the MAPK cascade: StMAPK4_2, StMAPK6 and StMAPK13. These data together provide further insight into the StMCK6 signalling module and its involvement in plant defence.
	Objavljeno v	Public Library of Science; PloS one; 2014; Vol. 9, iss. 8; Impact Factor: 3.534; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 2.663; A': 1; WoS: RO; Avtorji / Authors: Lazar Ana, Coll Rius Anna, Dobnik David, Baebler Špela, Bedina Zavec Apolonija, Žel Jana, Gruden Kristina	
	Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek	
4.	COBISS ID	4930586	Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO	MARCKS kot negativni regulator signalizacije LPS

		ANG	MARCKS as a negative regulator of lipopolysaccharide signaling
Opis		SLO	S pomočjo konfokalne mikroskopije smo sledili lokalizacijo proteina MARCKS v odvisnosti od stimulacije z LPS. Ugotovili smo, da se po stimulaciji LPS se MARCKS preseli iz celične membrane na endosome kjer kolokalizira skupaj z LPS. Na ta način MARCKS lahko nevtralizira sposobnost aktivacije TLR4 z LPS, ker se TLR4 nahaja v istih veziklih kot MARCKS, ki je sicer citosolni protein.
		ANG	Myristoylated alanine-rich C kinase substrate (MARCKS) is an intrinsically unfolded protein with a conserved cationic effector domain, which mediates the cross-talk between several signal transduction pathways. Transcription of MARCKS is increased by stimulation with bacterial LPS. We determined that MARCKS and MARCKS-related protein specifically bind to LPS and that the addition of the MARCKS effector peptide inhibited LPS-induced production of TNF- α in mononuclear cells. The LPS binding site within the effector domain of MARCKS was narrowed down to a heptapeptide that binds to LPS in an extended conformation as determined by nuclear magnetic resonance spectroscopy. After LPS stimulation, MARCKS moved from the plasma membrane to FYVE-positive endosomes, where it colocalized with LPS. MARCKS-deficient mouse embryonic fibroblasts (MEFs) responded to LPS with increased IL-6 production compared with the matched wild-type MEFs. Similarly, small interfering RNA knockdown of MARCKS also increased LPS signaling, whereas overexpression of MARCKS inhibited LPS signaling. TLR4 signaling was enhanced by the ablation of MARCKS, which had no effect on stimulation by TLR2, TLR3, and TLR5 agonists. These findings demonstrate that MARCKS contributes to the negative regulation of the cellular response to LPS
Objavljeno v	Williams & Wilkins; The journal of immunology; 2012; Vol. 188, no. 8; str. 3893-3902; Impact Factor: 5.520; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 4.093; A': 1; WoS: NI; Avtorji / Authors: Manček Keber Mateja, Benčina Mojca, Japelj Boštjan, Panter Gabriela, Andrä Jörg, Brandenburg Klaus, Triantafilou Martha, Triantafilou Kathy, Jerala Roman		
Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek		
5.	COBISS ID	9319764	Vir: COBISS.SI
Naslov		SLO	Primerjava metod CLIP in iCLIP za študij interakcij protein-RNA
		ANG	Analysis of CLIP and iCLIP methods for nucleotide-resolution studies of protein-RNA interactions
Opis		SLO	Primerjali smo sposobnost metod CLIP in iCLIP za določanje mest na RNA, ki so v interakciji z opazovanim proteinom. Primerjavo smo izvedli na podlagi podatkov iz šestih objavljenih študij in dveh novih eksperimentov, ter pokazali vpliv posamezne metode na zmožnost določanja mest interakcij. Preko 80% začetkov odčitkov iCLIP sovпада z mestom interakcije protein-RNA, medtem ko le 10% odčitkov CLIP vsebuje delecijo, s katero se lahko določi mesto interakcije. Metoda iCLIP se je tako izkazala za bistveno bolj natančno, tako v določanju mesta interakcije kakor tudi v številu odkritih mest interakcije, kar pomembno vpliva na nadaljnje analize mest interakcij in interpretacije celičnih mehanizmov opazovanega proteina.
		ANG	We compared the ability of CLIP and iCLIP methods to identify UV-induced RNA sites interacting with proteins. The comparison was done on six published and two new experimental data sets. Over 80% of iCLIP reads truncated at the cross-link site, while only 10% of CLIP reads included a deletion, which is an indication for cross-linking. We have demonstrated that iCLIP provides a higher positional precision and is able to identify more RNA sites interacting with the given protein.

Objavljeno v	BioMed Central; Genome biology; 2012; Vol. 13, no. 8; str. 1-33; Impact Factor: 10.288; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 2.864; A": 1; A': 1; Avtorji / Authors: Sugimoto Yoichiro, König Julian, Hussain Shobbir, Zupan Blaž, Curk Tomaž, Frye Michaela, Ule Jernej
Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek

7. Najpomembnejši družbeno-ekonomski rezultati projektne skupine⁶

		Družbeno-ekonomski dosežek	
1.	COBISS ID	2483279	Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO	Uporaba glikozidaz in glikoziltransferaz za povečano proizvodnjo proteinov
		ANG	Use of glycosidases and glycosyltransferases for enhanced protein production
	Opis	SLO	Metoda za povečano proizvodnjo rekombinantnih proteinov v rastlinah ali rastlinskih celic rešuje problem kompleksne proizvodnje beljakovin s hitro, zanesljivo in ekonomsko upravičeno rešitvijo. V rastline <i>N. tabacum</i> (ali druge) je potrebno vstaviti vsaj en protein, ki ga sestavlja zaporedje za beljakovino, ki se proizvaja, in vsaj en protein, sestavljen iz zaporedja vsaj eno dodatno beljakovino ali poliribonukleotid, ki poveča celično prepustnost, po možnosti iz skupine glikozidaz, ali če je uveden vsaj en protein, ki zajema zaporedje želenega proteina in zaporedje za povečanje prepustnosti ciljnih celic, po možnosti iz skupine glikozidaz. Zaporedja po možnosti izhajajo iz rastlinskih virusov, po možnosti TMV in / ali PVX.
		ANG	Method for enhanced production of recombinant proteins in plants or plant cells solves a problem of complex protein production with fast, reliable and economically viable solution. Preferably in <i>N. tabacum</i> plants it is introduced at least one polynucleotide comprising a sequence coding a protein to be produced, and at least one polynucleotide comprising a sequence for at least one further modulating protein or polyribonucleotide which increases the cell-cell permeability of the target cells, preferably from group of glycosidases, or it is introduced at least one polynucleotide which comprises the sequence for protein of interest and a sequence increasing the cell-cell permeability of the target cells, preferably from group of glycosidases. Polynucleotide sequences preferably originate from plant viruses, preferably TMV and/or PVX.
	Šifra	F.33	Patent v Sloveniji
	Objavljeno v	Urad RS za intelektualno lastnino; 2011; 11 str.; Avtorji / Authors: Dobnik David, Baebler Špela, Žel Jana, Gruden Kristina, Štebih Dejan	
Tipologija	2.24	Patent	
2.	COBISS ID	2489935	Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO	Predavanje Interakcije rastlina-patogen
		ANG	Plant-pathogen interactions
	Opis	SLO	Predavanje je bilo izvedeno v okviru delavnice »Training course on molecular diagnostics for risk assessment and management of genetically modified crops«, ki jo je v New Delhiju organiziral National Bureau of Plant Genetic Resources, Indian council of agricultural research. Tema predavanja je bila predstavitev temeljnih raziskav interakcije krompir-virus in kako lahko takšne raziskave privedejo do aplikativnih rezultatov.
ANG		The lecture was conducted during the workshop "Training Course on Molecular Diagnostics for Risk Assessment and Management of Genetically modified crops", which was held in New Delhi organized by the National	

		Bureau of Plant Genetic Resources, Indian Council of Agricultural Research. The theme of the lecture was a presentation of basic research on potato-virus interaction and how this research led to applicative results.
	Šifra	B.04 Vabljeno predavanje
	Objavljeno v	2011; Avtorji / Authors: Dobnik David
	Tipologija	3.16 Vabljeno predavanje na konferenci brez natisa
3.	COBISS ID	261457920 Vir: COBISS.SI
	Naslov	<i>SLO</i> Funkcijska analiza genov s transgenimi rastlinami in razvoj novih metod za določanje gensko spremenjenih organizmov
		<i>ANG</i> Functional analysis of genes using transgenic plants and development of new methods for detection of genetically modified organisms
	Opis	<i>SLO</i> S pristopom funkcijske analize genov smo ovrednotili vlogo gena za β -1,3-glukanazo razreda III (Glu-III) v interakciji med krompirjem in krompirjevim virusom YNTN (PVYNTN). Pripravili smo transgene rastline s povečanim izražanjem Glu-III. Po okužbi s PVYNTN smo ugotovili razlike v širjenju virusa med transgenimi linijami s povečanim izražanjem Glu-III in netransgenimi linijami. Razlike, ki sovpadajo s hitrejšim širjenjem virusa med linijami, smo ugotovili tudi na nivoju izražanja genov, kjer smo opazovali izražanje izbranih markerskih genov. Razvili smo tudi novo metodo za določanje gensko spremenjenih organizmov (GSO) imenovano NAIMA (ang. NASBA Implemented Microarray Analysis).
		<i>ANG</i> The role of β -1,3-glucanase class III (Glu-III) gene was evaluated in the interaction between potato and potato virus YNTN using the functional genomics approach. We prepared transgenic potatoes overexpressing Glu-III. After PVYNTN inoculation differences in viral spread were observed between transgenic lines over-expressing Glu-III and non-transgenic lines. Differences in the speed of viral spread were correlating with differences observed in the expression of selected marker genes. We also developed a new method) for detection of genetically modified organisms (GMO), named NAIMA (NASBA Implemented Microarray Analysis).
	Šifra	D.09 Mentorstvo doktorandom
	Objavljeno v	[D. Dobnik]; 2012; XII, 136 str.; Avtorji / Authors: Dobnik David
	Tipologija	2.08 Doktorska disertacija
4.	COBISS ID	818039 Vir: COBISS.SI
	Naslov	<i>SLO</i> Vloga genov, vključenih v signalizacijsko pot proteinskih kinaz, pri okužbi krompirja (<i>Solanum tuberosum</i> L.) s krompirjevim virusom Y
		<i>ANG</i> Function of protein kinase genes in signalling of potato (<i>Solanum tuberosum</i> L.) response to potato virus Y infection : doctoral dissertation
	Opis	<i>SLO</i> Z metodami funkcijske genomike smo ovrednotili vlogo z mitogeni aktiviranih proteinskih kinaz (MAPK) v odzivu netransgenega krompirja sorte Rywal (preobčutljivostni odziv) in transgenega NahG-Rywala (okvarjena sinteza salicilne kisline) na okužbo s krompirjevim virusom Y (PVY). Signalizacija MAPK je eden ključnih regulatorjev odziva rastline na napad patogenov. Sproži se po principu kaskade, v kateri so aktivirane tri kinaze, rezultat pa je aktivacija obrambnih genov in proteinov. Negativni regulatorji kaskade so fosfataze MAPK. Prikazali smo filogenetske odnose krompirjevih MAPK in ortologov modelne rastline <i>A. thaliana</i> in ugotovili slabšo zastopanost teh genov v krompirju. Rezultati izražanja genov netransgenega krompirja sorte Rywal in transgenega NahG-Rywala po okužbi s PVY kažejo tri različne vzorce izražanja, najpogosteje imajo geni v primerjavi s kontrolami v krompirju sorte Rywal nižje, v krompirju NahG-Rywal pa višje izražanje. Za nadaljnje funkcijske analize smo izbrali tri diferencialno izražene gene: MAPK kinazo 6 (MKK6), MAPK (z ranitvijo

		<p>inducirana proteinska kinaza, WIPK) in fosfatazo MAPK 1 (MKP1). Preučevali smo tudi vpliv virusa PVY na lokalizacijo izbranih treh proteinov. Ugotovili smo, da se protein MKK6 pod kontrolo nativnega promotorja ob okužbi s PVY nakopiči v jedru. Z metodo BiFC (bimolekularna fluorescenčna komplementacija) nismo našli potencialnih substratov proteina StMKK6. Vpliv utišanja gena StWIPK s prehodno transformacijo rastline <i>S. venturii</i> na hitrost širjenja fluorescenčno označenega virusa ni vplival.</p>
	ANG	<p>We evaluated role of mitogen-activated protein kinases (MAPKs) in response of non-transgenic potato cv. Rywal (hypersensitive resistance) and transgenic NahG-Rywal (salicylic acid deficient) to Potato virus Y (PVY) infection, using functional genomics approaches. MAPK signalling is one of the key regulators of plant response to pathogen attack. It is triggered in a form of a cascade, where three kinases are sequentially phosphorylated, which results in activation of defence genes and proteins. Negative regulators of the cascade are MAPK phosphatases. We analysed phylogenetic relationship of potato MAPKs in comparison to the model plant species <i>A. thaliana</i> and observed poorer representation of MAPKs in potato. The expression results of the non-transgenic potato cv. Rywal and transgenic NahG-Rywal in defence response against PVY show three different expression patterns. Most commonly, the genes are repressed in Rywal and induced in NahG-Rywal. We selected three differentially expressed genes for further functional analysis: MAP kinase kinase 6 (MKK6), MAP kinase (wound-induced protein kinase, WIPK) and MAP kinase phosphatase 1 (MKP1). Protein StMKK6, under the control of its native promoter, accumulated in nucleus after the infection. Using bimolecular fluorescent complementation (BiFC), we did not find any substrates of StMKK6 protein. Additionally, silencing of StWIPK in the transiently transformed plants of <i>S. venturii</i> did not have any effect on the spread of the GFP-marked PVY.</p>
	Šifra	D.09 Mentorstvo doktorandom
	Objavljeno v	[A. Lazar]; 2014; XIV f., 101 str., [6] str. pril.; Avtorji / Authors: Lazar Ana
	Tipologija	2.08 Doktorska disertacija
5.	COBISS ID	2771279 Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO Proizvodnja cepiv rastlinskega izvora
		ANG Production of vaccines in plants: TV show Ugriznimo znanost
	Opis	SLO V oddaji smo predstavili prehodne transformacije rastlin in kako spremenimo izražanje genov v rastlinah. Poleg praktičnega prikaza lokalizacijskih študij, smo prikazali tudi možnost rastlinske proizvodnje proteinov (npr. za proizvodnjo cepiv).
		ANG In the show we have presented the transient transformations of plants and how we change the gene expression in plants. We have shown an example of localization studies and the possibility of plant protein production (e.g. for vaccine production).
	Šifra	B.06 Drugo
	Objavljeno v	RTV Slovenija 1; 2013; Avtorji / Authors: Dobnik David, Lazar Ana, Žel Jana, Ravnikar Maja, Morisset Dany, Tušek-Žnidarič Magda, Gutierrez-Aguirre Ion
	Tipologija	2.19 Radijska ali televizijska oddaja

8. Drugi pomembni rezultati projektne skupine^Z

Tekom projekta smo poročali o delu na projektu na več mednarodnih znanstvenih konferencah

ter seznanjali širšo javnost tudi s problematiko gensko spremenjenih organizmov z različnimi prispevki preko medijev in objav. Zaradi poznavanja gensko spremenjenih rastlin je David Dobnik sodeloval tudi v delovni skupini Evropske mreže za določanje GSO, ki je pripravila strokovno podlago za odločanje Evropske komisije za določanje gensko spremenjenih organizmov, ki nosijo več vnesenih genov v enem organizmu (Stack Genes). Tudi na Ministrstvu za kmetijstvo in okolje je dr. David Dobnik v okviru sestanka znanstvenega odbora za sproščanje GSO predstavil male RNA in njihovo vlogo pri gensko spremenjenih rastlinah.

Omenimo pa lahko še naslednje dosežke:

Žel -članica uredniškega odbora revije Food Analytical methods

Real-time delavnica učno gradivo - COBISS-ID 29465561

Mentorstvo magistrski nalogi

JAMNIK, Maja. Vpliv krompirjevega virusa Y na različne divje sorodnike krompirja : magistrsko delo : magistrski študij - 2. stopnja = The effect of potato virus Y on different wild relatives of potato : M. Sc. Thesis : Master Study Programmes. Ljubljana: [M. Jamnik], 2013. XI, 72 f., [9] f. pril., ilustr. [COBISS.SI-ID 2922063]

9.Pomen raziskovalnih rezultatov projektne skupine⁸

9.1.Pomen za razvoj znanosti²

SLO

Funkcijske analize genov vpletenih v interakcije rastlin in njihovih patogenov so bile dosedaj v večini izvedene na modelni rastlini *Arabidopsis thaliana*, vendar rezultatov ne moremo neposredno prenesti na poljščine. Krompir je svetovno gledano četrta najpomembnejša poljščina, uporabljena za hrano; zato so raziskave te vrste ključnega pomena. Povrh vsega so interakcije rastlin in virusov najmanj poznane med vsemi interakcijami rastlin in patogenov. Rezultati funkcijske analize genov vpletenih v interakcijo krompir-virus, ki so bili pridobljeni v tem projektu, bodo imeli mednarodno pomemben vpliv na razumevanje interakcije med rastlinami in škodljivci ter na identifikacijo možnih strategij za zaščito rastlin, potrebnih za vzgojo na virus odpornih rastlin krompirja in potencialno tudi drugih pomembnih poljščin. Znanju o interakciji smo s študijami malih RNA dodali tudi nov nivo razumevanja. Tako smo raziskave prenesli na novo raven in tudi povečali nabor možnosti za izboljšanje agronomsko pomembnih lastnosti krompirja. Pridobljeno znanje pa bo pomembno tudi na drugih področjih, kot je na primer proizvodnja proteinov v rastlinah, ki je hitro rastoče novo področje. Vse več kompleksnih proteinov je proizvedenih v rastlinah. Znanje pridobljeno v projektu je pripomoglo k prijavi patenta za izboljšano produkcijo proteinov v rastlinah. Proizvajalci heterolognih proteinov v rastlinah so tako pridobili možnost za izboljšanje produkcijskih sistemov, obenem pa je lahko to znanje podlaga za morebitne nove predloge izboljšav. Rezultati projekta so celokupno privedli do pomembnih odkritij, novega znanja, objav v kvalitetnih znanstvenih revijah in patentu, s čimer smo nedvomno prispevali k razvoju znanosti kakor tudi potencialnih aplikativnih izpeljavah.

ANG

Functional analyses of genes involved in the interaction of plants and their pathogens have been so far mostly performed in the model plant *Arabidopsis thaliana*. The results of these studies, however, cannot be directly transferred to the crops. Potato is the world's fourth most important crop used for food, thus the research of this kind is essential. On top of it, the interactions of plants and viruses are the least known among all the interactions of plants and pathogens. The results of the functional analyses of genes involved in the interaction of potato-virus, which were obtained in this project, will have a significant impact on the international understanding of the interactions between plants and pests. The results will also facilitate in identification of possible strategies for plant protection, important for breeding of virus-resistant potato plants and potentially even other important crops. The knowledge of the interaction was taken to a new level of understanding with inclusion of studies of small RNAs. In this way, the research was taken to a new level, increasing the range of options to improve agronomically important properties of potatoes. The acquired knowledge will be important in other areas, such as the production of proteins in plants. This is a new rapidly growing area, as more and more complex proteins are produced in plants. Knowledge gained in the project helped to apply for a patent for an improved production of proteins in plants. Manufacturers of heterologous proteins in plants thus got the opportunity to improve production systems, while this knowledge can also

be the basis for possible new improvements. Overall, the results of the project lead to important discoveries, new knowledge, and high-quality publications in scientific journals and patent, with which we undoubtedly contributed to the development of science, as well as the potential practical applications.

9.2. Pomen za razvoj Slovenije¹⁰

SLO

V okviru projekta smo sodelovali s številnimi evropskimi inštitucijami iz Slovenije in tujine (Fakulteta za računalništvo in informatiko Univerze v Ljubljani (Slovenija), Kemijski inštitut (Slovenija), Leibniz Institute of Plant Biochemistry (Nemčija), Institute of Biochemistry and Biophysics (Poljska), Wageningen University and Research Centre (Nizozemska)). Sodelovanje na tem projektu je okrepilo pozicijo slovenskih inštitutov in tudi povečalo možnosti za prihodnja sodelovanja v okviru evropskih projektov.

Nadalje so bili rezultati projekta predstavljeni na različnih mednarodnih srečanjih in v obliki znanstvenih publikacij in patenta, kar je pomagalo k promoviranju slovenske znanosti.

Pridobljeno znanje je bilo in bo tudi v prihodnje predstavljeno tudi širši javnosti preko objav v časopisih, poljudnih revijah in preko predavanj. V okviru projekta sta bila izobražena tudi dva mlada raziskovalca. Pridobljeno znanje je bilo preneseno tudi na dodiplomske in podiplomske študente skozi predavanja in praktičnim delom z diplomanti ter magistranti. Novo znanje bo tudi izboljšalo kvaliteto predavanj, ki jih imajo na različnih univerzah člani Oddelka za biotehnologijo in sistemsko biologijo.

Pomembni so tudi vzpostavljeni sistemi za preučevanje funkcionalne analize genov, tako transformacijskih sistemov, kakor analize sRNA, saj se na osnovi pridobljenega znanja lahko preučujejo tudi druge tematike pomembne za Slovenski prostor.

Znanje pridobljeno na področju transgenih rastlin je pomembno tudi za presoje tveganja pri vlogah za delo in trženje gensko spremenjenih organizmov (GSO). Nekateri člani projektne skupine (Žel, Gruden) so tudi člani znanstvenih odborov povezanih z GSO pri Ministrstvu za okolje in prostor.

Nacionalni inštitut za biologijo je tudi Nacionalni referenčni laboratorij za določanje GSO. Tudi pri tem diagnostičnem delu je pomembno temeljno znanje poznavanja GSO, h kateremu je pripomogel tudi ta projekt.

ANG

Within the project we have cooperated with many European institutions from Slovenia and abroad (Faculty of Computer and Information Science, University of Ljubljana (Slovenia), Institute of Chemistry (Slovenia), Leibniz Institute of Plant Biochemistry (Germany), Institute of Biochemistry and Biophysics (Poland) Wageningen University and Research Centre (Netherlands)). Participation in this project has strengthened the position of Slovenian institutes and also increased the possibilities for future cooperation within the framework of the European projects.

Furthermore, the results of the project were presented at various international meetings and in the form of scientific publications and patents, which helped to promote Slovenian science. The acquired knowledge has been and will continue to be presented to the general public through publications in newspapers, popular magazines and through lectures. Within the project two young researchers were educated. The acquired knowledge was and will be passed on to undergraduate and graduate students through lectures and practical work with graduates and masters graduates. New knowledge will also improve the quality of the lectures, which are held at various universities by the members of the Department of Biotechnology and Systems Biology.

Also important are the newly established approaches for studies of functional analysis of genes by transformation systems and also by analysis of small RNAs. Based on the acquired knowledge also other topics relevant to the Slovenia can be examined.

Knowledge gained in the field of transgenic plants is also important for risk assessment applications for work and marketing of genetically modified organisms (GMOs). Some members of the project group (Žel, Gruden) are also members of the Scientific Committees related to GMOs in the Ministry of the Environment and Spatial Planning.

National Institute of Biology is also the National Reference Laboratory for GMO detection. Even with this diagnostic work, the basic knowledge of GMOs, to which also helped this project, is important.

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 upravljaljskih 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 upravljaljskih 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/varovanje 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="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="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.03	Tehnološki razvoj					
G.03.01.	Tehnološka razširitev/posodobitev dejavnosti	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.03.02.	Tehnološko prestrukturiranje dejavnosti	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.03.03.	Uvajanje novih tehnologij	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.03.04.	Drugo:	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.04	Družbeni razvoj					
G.04.01	Dvig kvalitete življenja	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.04.02.	Izboljšanje vodenja in upravljanja	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.04.03.	Izboljšanje delovanja administracije in javne uprave	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.04.04.	Razvoj socialnih dejavnosti	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.04.05.	Razvoj civilne družbe	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.04.06.	Drugo:	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.05.	Ohranjanje in razvoj nacionalne naravne in kulturne dediščine in identitete					
G.06.	Varovanje okolja in trajnostni razvoj					
G.07	Razvoj družbene infrastrukture					
G.07.01.	Informacijsko-komunikacijska infrastruktura	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.07.02.	Prometna infrastruktura	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.07.03.	Energetska infrastruktura	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	

G.07.04.	Drugo:		<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.08.	Varovanje zdravja in razvoj zdravstvenega varstva		<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 2014¹²**13.1. Izjemni znanstveni dosežek**

Vloga izbranih genov v interakciji krompir-krompirjev virus Y - glej tudi priponko.
 Za zaščito rastlin pred napadi patogenih organizmov, je potrebno dobro razumevanje interakcije med rastlino in patogenom. Osredotočili smo se na krompir in krompirjev virus YNTN (PVYNTN).

Naš cilj je bil ovrednotiti vlogo izbranih genov v interakciji krompir-PVY. MAPK kinaza (StMCK6) se je v transkriptomskih študijah pokazala kot močno regulirana. Z različnimi eksperimenti (lokalizacija, interakcije med proteini) smo potrdili pomembno vlogo tega gena in obenem identificirali tarče te kinaze v signalni kaskadi. Ovrednotili smo vlogo gena za beta-glukanazo razreda 3 (Glu-III), za katero smo pokazali, da pomembno vpliva na širjenje virusa po rastlini (pospeši širjenje). Te ugotovitve so bile podlaga za idejo o izboljšani proizvodnji proteinov v rastlinah s pomočjo Glu-III, kar je bilo tudi zaščiteno s patentom.
 Raziskave so bile objavljene v znanstvenih revijah PLoS ONE in Plant Biotechnology Reports.

13.2. 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:

Nacionalni inštitut za biologijo

Jana Žel

ŽIG

Kraj in datum:

Ljubljana

12.3.2015

Oznaka poročila: ARRS-RPROJ-ZP-2015/63

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 / prepišite 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](#)

Navedite en izjemni znanstveni dosežek in/ali en izjemni družbeno-ekonomski dosežek raziskovalnega projekta v letu 2014 (največ 1000 znakov, vključno s presledki). Za dosežek pripravite diapozitiv, ki vsebuje sliko ali drugo slikovno gradivo v zvezi z izjemnim dosežkom (velikost pisave najmanj 16, približno pol strani) in opis izjemnega dosežka (velikost pisave 12, približno pol strani). Diapozitiv/-a priložite kot 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/2015 v1.00a

E7-AA-98-80-40-81-6D-DE-35-74-E6-68-16-48-38-5B-FA-1A-CD-97

Priloga 1

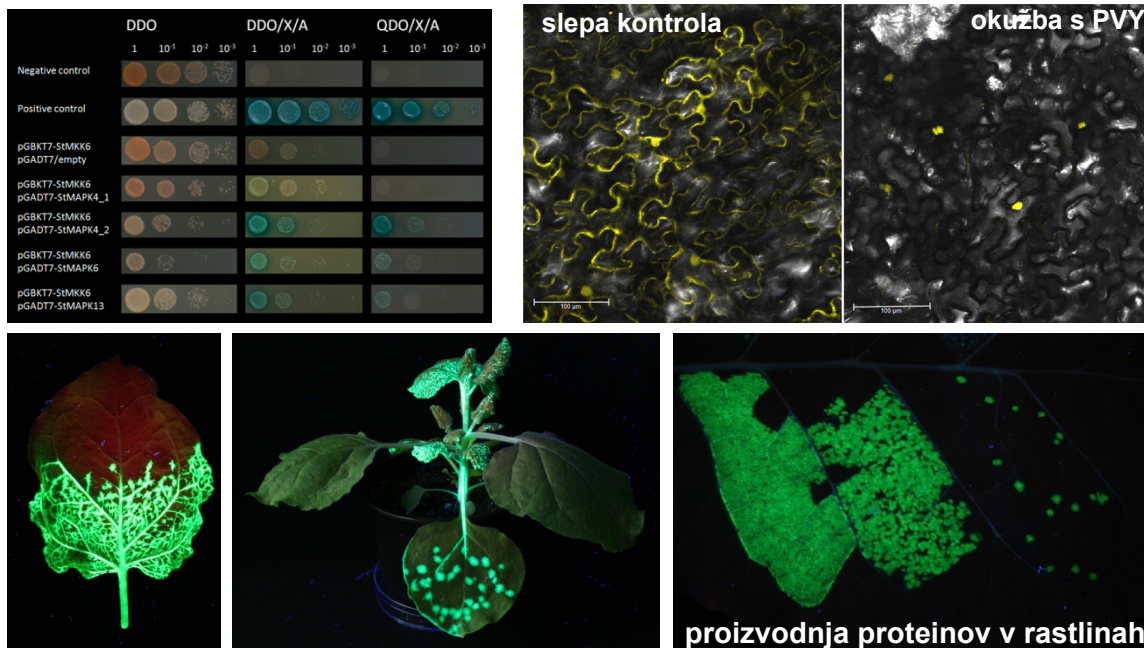
NARAVOSLOVJE

1.03.04 Rastlinska fiziologija

Odkrita vloga posameznih genov v interakciji krompir-virus

Vir:

- DOBNIK D., BAEBLER Š., KOGOVSĚEK, P., POMPE NOVAK M., ŠTEBIH D., PANTER G., JANEŽ N., MORISSET D., ŽEL J., GRUDEN K. [Beta]-1,3-glucanase class III promotes spread of PVY^{NTN} and improves in planta protein production. *Plant biotechnology reports*, ISSN 1863-5466, 2013, vol. 7, iss. 4, str. 547-555
- LAZAR A., COLL RIUS A., DOBNIK D., BAEBLER Š., BEDINA ZAVEC A., ŽEL J., GRUDEN K. Involvement of potato (*Solanum tuberosum* L.) MKK6 in response to Potato virus Y. *PLoS one*, ISSN 1932-6203, Aug. 2014, vol. 9, iss. 8
- DOBNIK, David, BAEBLER, Špela, ŽEL, Jana, GRUDEN, Kristina, ŠTEBIH, Dejan. Uporaba glikozidaz in glikoziltransferaz za povečano proizvodnjo proteinov : SI 23374 (A), 2011-11-30. Ljubljana: Urad RS za intelektualno lastnino, 2011. 11 str.,



V naravi so rastline izpostavljene številnim okoljskim dejavnikom, ki vključujejo napade virusov, bakterij, gliv in ostalih patogenov. Za zaščito rastlin pred napadi patogenih organizmov, je potrebno dobro razumevanje interakcije med rastlino in patogenom. V našem primeru smo se osredotočili na krompir in krompirjev virus Y^{NTN} (PVY^{NTN}), ki na krompirju povzroča precejšnjo škodo ter tako zmanjšuje količino pridelka in njegovo kvaliteto.

Naš cilj je bil ovrednotiti vlogo izbranih genov v interakciji krompir-PVY. MAPK kinaza (StMKK6) se je v transkriptomskih študijah pokazala kot močno regulirana. Z različnimi eksperimenti (lokalizacija, interakcije med proteini) smo potrdili pomembno vlogo tega gena in obenem identificirali tarče te kinaze v signalni kaskadi. Prav tako smo ovrednotili vlogo gena za beta-glukanazo razreda 3 (Glu-III), za katero smo pokazali, da pomembno vpliva na širjenje virusa po rastlini (pospeši širjenje). Te ugotovitve so bile podlaga za idejo o izboljšani proizvodnji proteinov v rastlinah s pomočjo Glu-III, kar je bilo tudi zaščiteno s patentom.

Raziskave so bile objavljene v znanstvenih revijah PLoS ONE in Plant Biotechnology Reports.