

Oznaka poročila: ARRS-RPROJ-ZP-2011-1/146

ZAKLJUČNO POROČILO O REZULTATIH RAZISKOVALNEGA PROJEKTA

A. PODATKI O RAZISKOVALNEM PROJEKTU

1. Osnovni podatki o raziskovalnem projektu

Šifra projekta	J4-9252
Naslov projekta	MAS za pitovne in klavne lastnosti pri kombiniranih pasmah goveda
Vodja projekta	9755 Milena Kovač
Tip projekta	J Temeljni projekt
Obseg raziskovalnih ur	2.838
Cenovni razred	D
Trajanje projekta	07.2007 - 06.2010
Nosilna raziskovalna organizacija	481 Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta
Raziskovalne organizacije - soizvajalke	
Družbeno-ekonomski cilj	13. Splošni napredek znanja - RiR financiran iz drugih virov (ne iz splošnih univerzitetnih fondov - SUF)

1.1. Družbeno-ekonomski cilj¹

Šifra	08.
Naziv	Kmetijstvo

2. Sofinancerji²

1.	Naziv	
	Naslov	
2.	Naziv	
	Naslov	
3.	Naziv	
	Naslov	

B. REZULTATI IN DOSEŽKI RAZISKOVALNEGA PROJEKTA

3. Poročilo o realizaciji programa raziskovalnega projekta³

Iz preizkusa potomcev na pitovne in klavne lastnosti smo od 1986 dalje obravnavali 3801 bikov lisastega in 2338 rjavega goveda in zanje zbrali podatke iz ocenjevanja kakovosti klavnih polovic na liniji klanja. Razsekanih je bilo 1963 trupov pri lisastem in 1267 pri rjavem govedu, kjer smo izmerili preko 150 lastnosti. Vzroce tkiva za genotipizacijo smo zbirali po letu 2006, pridobili pa smo tudi seme očetov iz osemenjevalnih središč. Preizkus rjavega goveda je bil zaključen leta 2009, zato od tega časa dalje ni novih podatkov. Metodo za vključevanje informacij o genih z velikim učinkom in označevalcev smo preizkusili tudi pri ovcah in prašičih. Raziskava je bila opravljena v treh sklopih (WP).

WP1. Proučitev pitovnih in klavnih lastnosti in lastnosti kakovosti mesa. Opravili smo širši izbor pitovnih in klavnih lastnosti. Pri izboru smo upoštevali variabilnost in dednost lastnosti, korelacije med lastnostmi in zahtevnost pridobivanja meritev (stroški, čas, zanesljivost). Na vseh razpoložljivih podatkih smo razvili model in ocenili parametre disperzije za pitovne in klavne lastnosti. Pri rjavi pasmi smo za lastnosti iz linije klanja pojasnili med 37 % variabilnosti pri prsni globini trupa in 90 % pri masi toplih klavnih polovic. Pri lastnostih iz disekcije je bil najmanjši delež pojasnjene variance pri razmerju med mesom in kostmi v klavnih polovicah (33 %) in maso ter deležem kit v klavnih polovicah (34 %), največji pa pri masi mesa (78 %) in masi loja v klavnih polovicah (63 %). Podoben delež pojasnjene variabilnosti je bil ocenjen tudi pri lisasti pasmi. Rezultati so bili delno objavljeni na konferenci v prispevku »*Prediction of carcass composition based on specific carcass cuts in Simmental bulls.*« (COBISS.SI-ID [1954952](#)).

Pri lisasti pasmi je bila heritabiliteta največja za oceno konformacije klavnih polovic ($h^2=0,354$), sledili pa sta globina ($h^2=0,263$) in dolžina klavnih polovic ($h^2=0,231$) ter indeks konformacije ($h^2=0,204$). Heritabilitete ostalih lastnosti iz linije klanja so znašale okrog 10 %. Ocene za omiščenost klavnih polovic (OM) in konformacijo klavnih polovic (EUR M) sta genetsko praktično isti lastnosti ($r=0,982$). Podobno velja ($r=0,962$) tudi za oceno pokritosti polovic z masnim tkivom (PO) in oceno zamaščenosti klavnih polovic (EUR P). Tesna genetska povezanost je tudi med OM in EUR M ter skupno oceno klavnih polovic (SO). Indeks konformacije je tesneje povezan s prsno globino polovic ($r=-0,859$) kot z njihovo dolžino ($r=-0,442$). Daljše klavne polovice lisastih bikov bolj zamaščené ($r=0,698$), medtem ko je povezava med zamaščenostjo polovic in njihovo globino v prsnem delu šibkejša ($r=0,316$). Pri rjavi pasmi je največja heritabiliteta ocenjena za globino klavnih polovic ($h^2=0,456$) in indeks konformacije ($h^2=0,452$). V splošnem so heritabilitete za lastnosti iz linije klanja pri rjavi pasmi nekoliko večje, kar je verjetno posledica manjše variance za ostanek. V primerjavi z lisasto pasmo je pri rjavi negativna genetska povezava med dolžino in globino klavnih polovic ter oceno pokritosti polovic z masnim tkivom ($r=-0,439$ in $-0,247$).

Z novim pravilnikom z ocenami od 1 do 15 je odpadla potreba po dodatnem ocenjevanju PO in OM. V ožjem izboru ostanejo le še dolžina klavnega trupa, prsna globina, indeks konformacije in klavni izplen. Mase in deleži posameznih tkiv iz razseka imajo s proizvodnimi lastnostmi primerljiv dednostni delež. Korelacije med masami tkiv in njihovimi deleži oz. razmerji so visoke. Tudi zaradi lažje interpretacije in ekonomskega vrednotenja smo se odločili za mase tkiv.

Pri opisu rasti smo se odločili za uporabo naključne regresije, da lahko napovemo plemensko vrednost za povprečno hitrost rasti in za potek rastne krivulje, modelira pa tudi spremembo varianc in kovarianc z rastjo. Za sistematsko regresijo bomo izbrali funkcijo Liskija. Odstopanja individualnih krivulj rasti za genetski vpliv in permanentno okolje smo modelirali v naključnem delu z Legendrovimi polinomi. Z vključitvijo permanentnega okolja smo razdelili ostanek na permanentno in začasno komponento. Za opis variabilnosti za telesno maso v preizkusu sta ustrezala polinoma s štirimi in petimi členi Legendrovega polinoma. Nižji polinomi so bili premalo prilagodljivi za opis spreminjanja variabilnosti telesne mase v preizkusu, višji pa so povzročali nenavadno visoke ocene parametrov ob koncu preizkusov, ko je bilo tudi manj opazovanj. Ocene heritabilitet za telesno maso so bile med 0,22 in 0,45 in so bile primerljive z ocenami iz večlastnostnih modelov, čeprav je bil vzorec spreminjanja parametrov disperzije med pristopoma nekoliko različen. Delež nepojasnjene variance je bil na začetku visok (0,19), kasneje pa se je znižal na 0,05. Preostali del fenotipske variabilnosti predstavlja permanentno okolje živali, katerega delež je bil nižji na začetku (0,32) in je naraščal na 0,54 proti koncu rasti. Uporaba združenega modela za genetsko vrednotenje rasti in klavnih lastnosti možna in smiselna. Pred uvedbo rutinskega dela je potrebno določiti nove agregatne genotipske vrednosti in preveriti rangiranje živali znotraj primerjalnih skupin in med generacijami. Rezultati so bili delno objavljeni pod naslovom »*Random regression for genetic evaluation of growth in Brown bulls*« (COBISS.SI-ID [1966216](#)). Rezultate pripravljamo za objavo.

Zaradi primerjave smo zastavili tudi raziskavo pri prašičih lokalnih genotipov. Poleg zamaščenosti smo pri njih pridobili tudi maščobnokislinsko sestavo, prehransko kakovost maščob in prisotnost nezaželenih vonjev. Raziskava na fenotipskem nivoju je pokazala ugodno sestavo maščob pri avtohtonih pasmi tako iz prehranskega kot tehnološkega vidika. Rezultate so objavljeni v doktorski disertaciji z naslovom »*Kakovost mesa in maščobnega tkiva slovenskih lokalnih genotipov prašičev*« (COBISS.SI-ID [3823736](#)) in v znanstveni objavi z naslovom »*Fatty acid composition of meat and adipose tissue from Krško polje pigs and commercial fatteners in Slovenia*« (COBISS.SI-ID [2577544](#)), gradivo je delno predstavljeno v referatih na kongresih (COBISS.SI-ID [2505352](#), COBISS.SI-ID [2718856](#), COBISS.SI-ID [2762120](#)), strokovnem srečanju (COBISS.SI-ID [2016648](#)) in strokovnih člankih (COBISS.SI-ID [1955720](#), COBISS.SI-ID [2550152](#), COBISS.SI-ID [2713992](#)), gradivo pa še urejamo za objavo. Rezultati so bili osnova tudi za študije na genetskem nivoju, ki jih navajamo v naslednjem poglavju.

WP2 Kandidatni geni. V prvem delu genskih analiz smo se osredotočili na iskanje kandidatnih genov in polimorfizmov z vplivom na pitovne, klavne lastnosti in kakovost mesa. S podatkovnimi zbirkami ENSEMBL in NCBI smo pridobili informacije o že znanih SNP v govejem genu FTO, medtem ko smo s sekvenciranjem odbranega niza očetov (12 plemenjakov) poiskali nove polimorfizme v naši populaciji. Zbrali smo osem genov (*TFAM*, *DGAT1*, *GH*, *IGF1*, *IGR1R*, *TG*, *FABP4* in *FTO*), povezanih z nalaganjem maščobe. Geni *TFAM*, *DGAT1*, *GH*, *IGF1*, *IGR1R*, *TG*, *FABP4*, so bili predhodno že genotipizirani pri govedu, *FTO* pa pri prašiču in človeku. Za analizo

smo imeli na voljo 31 vzorcev očetov in 169 potomcev (polbratov) slovenske populacije lisastega goveda ter 23 vzorcev pasme krškopoljski prašič in 24 vzorcev hibrida 12 pri prašičih. Zeleni smo ugotovili stopnjo polimorfnosti teh označevalcev v slovenski populaciji lisastega goveda. V ta namen smo za vseh osem genov genotipizirali 12 vzorcev očetov iz slovenske populacije lisastega goveda. Na podlagi teh rezultatov smo ugotovili, da je sedem genov (*TFAM*, *GH*, *IGF1*, *IGRIR*, *TG*, *FTO* in *FABP4*) polimorfni, *DGAT1* pa je v analizirani populaciji monomorfen. Nadalje smo analizirali gene *TFAM*, *TG* in *FTO* na populaciji 31 očetov in 169 potomcev (polbratov). Analize so bile predstavljene v dveh diplomskih delih, dveh prispevkih na konferenci z mednarodno udeležbo v angleškem jeziku, dva prispevka na kongresih z mednarodno udeležbo v angleškem jeziku, prispevek na kolokviju v slovenskem jeziku ter prispevek, prispevek na mednarodnem znanstvenem posvetovanju in prispevek v strokovni monografiji.

Za gen *TFAM* smo z določanjem nukleotidnega zaporedja analizirali območje dolgo 801 bp, v katerem so trije SNP-ji (-1220A>C, -1212T>C, -950T>C). Nukleotidno zaporedje smo določili še ostalim 19 očetom. Glede na izračunano stopnjo heterozigotnosti sklepamo, da so identificirani genetski označevalci srednje informativni in tako uporabni za nadaljnje asociacijske študije s fenotipskimi podatki. Z restrikcijsko analizo smo preverili genetsko variabilnost gena *TG*, kjer smo z restrikcijskim encimom *PvuI* analizirali SNP 1696C>T. Analizirali smo 31 vzorcev očetov in 169 vzorcev njihovih potomcev. Glede na izračunano stopnjo heterozigotnosti sklepamo, da so identificirani genetski označevalci srednje informativni in tako uporabni za nadaljnje asociacijske študije s fenotipskimi podatki. Rezultati analiz so bile predstavljene v diplomskem delu z naslovom »Raziskave genetskih vzrokov za nalaganje maščobe z uporabo integrativnih genomskih strategij« (COBISS.SI-ID [2818440](#)).

V genu *FTO* smo v populaciji slovenskega lisastega goveda identificirali 23 SNP označevalcev v genu *FTO*, od tega smo genotipizirali 12 najbolj informativnih. Statistična analiza je potrdila hipotezo, da gen *FTO* vpliva na lastnosti zamaščenosti. SNP rs41636320 A>T, ki se nahaja v intronu 6, je bil statistično značilno povezan z deležem loja ($p = 0,0127$). Analize so bile predstavljene v diplomskem delu z naslovom: »Asociacijska analiza haplotipov v genu *FTO* z lastnostmi zamaščevanja pri govedu (*Bos taurus*)« (COBISS.SI-ID [2589832](#)). Rezultati so bili predstavljeni na dveh kongresih pod naslovoma »Associations between SNP markers in candidate genes and growth/carcass traits in parental half-SIB families of Slovenian Simmental cattle« (COBISS.SI-ID [2509704](#)) in »Association analysis of the fat mass and obesity-associated (FTO) gene SNP markers with growth/carcass traits in paternal half-sib families of Slovenian simmental cattle.« (COBISS.SI-ID [2706824](#)). Rezultati so bili predstavljeni tudi na genetskem kolokviju »Asociacijska analiza haplotipov v genu *FTO* z lastnostmi zamaščevanja pri govedu (*Bos taurus*)« (COBISS.SI-ID [2723720](#)). Zaradi šibkih povezav z izbranimi lastnostmi zamaščenosti, ki so lahko rezultat določanja zaključka preizkusa in časa zakola živali na osnovi subjektivne ocene stopnje zamaščenosti, smo se odločili, da spisek lastnosti razširimo. Tako so v obdelavi še druge lastnosti, genotipiziranih pa je tudi nekaj več živali, iz teh rezultatov pripravljamo objavo v znanstveni reviji s faktorjem vpliva.

Vpliv polimorfizmov v genu *FTO* na maščobnokislinsko sestavo intramuskularne maščobe v dolgi hrbtni mišici (angl. *M. Longissimus dorsi*) in podkožnega maščobnega tkiva na hrbtu smo preučevali pri slovenski populaciji prašičev. S sekvenčno analizo smo pregledali 2 odseka gena *FTO* v območju 3'UTR dolga 456 bp in 491 bp. Analizirali smo 23 vzorcev pasme krškopoljski prašič in 24 vzorcev hibrida 12. Polimorfizmov v omenjenih območjih pri analizirani populaciji nismo našli. Rezultati so bili predstavljeni v štirih prispevkih: na kongresu v prispevku »Primerjava lastnosti zamaščenosti in maščobnokislinske sestave med hibridom 12 in pasmo krškopoljski prašič z vidika genskega zapisa gena *FTO*« (COBISS.SI-ID [2761864](#)), v strokovnem članku »Vpliv gena *FTO* na lastnosti zamaščenosti in maščobnokislinsko sestavo pri pasmi krškopoljski prašič« (COBISS.SI-ID [2553224](#)), na dveh znanstvenih konferencah »Association between polymorphism g.276T>G in the *FTO* and fatness: related traits in Krškopolje pig and hybrid 12« (COBISS.SI-ID [2718344](#)) in »Effect of SNP markers within the fat mass and obesity associated (FTO) gene on fatness-related traits in Krškopolje pig« (COBISS.SI-ID [2513800](#)).

WP3. Razvoj programske opreme. Raziskave na področju genomske selekcije so se v zadnjem času precej razmahnile. Problematiko lahko razdelimo na tri skupine problemov. V prvi skupini so problemi, ki jih lahko brez sprememb že obdelamo z obstoječimi paketi. Za probleme v drugi skupini je obstoječa programska oprema mogoče uporabiti in aproksimacije do sedaj uporabljenim algoritmom so zadovoljive, so pa računsko bolj zmogljive. V tretjo skupino pa smo uvrstili probleme, kjer splošna metoda še ni zadostno razvita in zato je nismo uspeli aplicirati.

V prvi skupini so postopki, ki omogočajo uvrščanje genov z velikim učinkom ali označevalcev med sistematske vplive, kjer se ugotovi vpliv posameznih alel ali genotipov. Dokler je število genov sorazmerno majhno in je njihov učinek povezanega QTLa velik, je možna uporaba dosedanjih orodij. Če je število genov ali označevalcev v modelu več in niso nujno nepovezani, jih lahko vključimo med naključne vplive. Tudi te modele pokrijejo klasični statistični paketi za napoved plemenskih vrednosti ali za oceno komponent variance.

V drugo skupino uvrščamo probleme v primeru, ko so populacije delno genotipizirane, zanima pa nas večji del populacije. Ker poznamo dedovanje med sorodniki, lahko sklepamo o genotipu tudi pri negenotipiziranih sorodnikih. Za manjše rodovnike se v humani genetiki uporablja metoda luščenja. V živinoreji kompleksnost rodovnikov določa večje število generacij, parjenje (oddaljenih) sorodnikov, veliko število potomcev po posameznih starših in prepletenost rodovnikov zaradi pogoste menjave partnerjev. Poleg tega stopnjuje problem tudi velikost populacij. Z obstoječimi algoritmi že pri majhnih slovenskih populacijah naletimo na omejitve računalniških kapacitet. Preverili smo dopolnitve, ki so jih pri prenosu v živinorejo opravili po letu 1989 številni raziskovalci. Preverjali smo MCMC metode, ki so splošne, a zahtevajo veliko časa, morebitne težave s konvergenco pa ni možna prepoznati niti med potekom izračuna niti proti koncu. Delni rezultati so bili objavljeni v znanstvenem članku dveh mlajših sodelavcev z naslovom »Simple reparameterization to improve convergence in linear mixed models« (COBISS.SI-ID [2792328](#)). Kot tretja je predlagana t.i. linearna aproksimativna metoda, ki temelji na mešanem modelu uporabljenem pogosto pri genetskem vrednotenju živali in apliciranem v

programskih paketih z učinkovito izrabo računalniških zmogljivosti. Do sedaj je bila metoda razvita samo za bialelne gene, kar smo odstranili z dopolnitvijo za gene z več alelami. Rezultati so preizkušeni pri genu PrP na različnih populacijah ovac v Sloveniji. Genotip PrP poznan pri slabi tretjini od 36000 živali iz poretka. Pri izvrednotenju ni bilo nobeni živali z gotovostjo določen genotip, z zniževanjem verjetnosti pa se je delež dodatno določenih genotipov pri živalih povečeval. Odstotek živali z dodatno določeno skupino NSP med pasmami variiral od 0 do 35 %. Razloge za majhno število dodatnih določitvev pripisujemo uporabi modela nepopolne penetrance, strukturi poretka in podatkov iz genotipizacije, velikemu številu alelov in predpostavljene enakomerne frekvence alelov v izhodišni populaciji. Model nepopolne penetrance povzroča pogosto pojavljanje majhnih verjetnosti pri manj verjetnih alelih, vseeno pa je model uspešen v primeru napak pri določanju genotipov ali napak v rodovnikih. Modeli z nepopolno penetranco imajo tudi kar nekaj računskih prednosti v primerjavi z modeli s popolno penetranco. Možno jih je uporabiti za gene z recesivnim ali dominantnim dedovanjem, za spolno vezane gene (oz. haplodiploidne sisteme dedovanja) in mutacije z ustrezno matriko sorodstva ter multiple (vezane) gene s korelacijami iz neravnotežja zaradi povezave. Rezultati so bili objavljeni v doktorski disertaciji z naslovom »*Estimation of population and individual allele probabilities in complex pedigrees*«, (COBISS.SI-ID [2590088](#)) in delno v znanstveni objavi z naslovom »*Inference of genotype probabilities and derived statistics for PrP locus in the Jezersko-Solcava sheep*«, (COBISS.SI-ID [2571400](#)), delno pa se še urejajo za objavo.

Preverili smo tudi grafično predstavitev različnih mešanih modelov in aplikacijo v paketu BUGS, ki omogoča Bayesov pristop v statistiki. Grafična predstavitev poenostavi predstavitev modela in omogoča uporabo učinkovitih orodij za reševanje problemov zlasti pri raziskovanju. Dokazal je, da je grafična predstavitev modela primerna tudi za kompleksne modele, ki se trenutno razvijajo na področju genetskega vrednotenja živali. To orodje je učinkovito in poenostavi delo zlasti pri raziskovalnem in pedagoškem delu. Pristop je bil predstavljen na več kongresih (COBISS.SI-ID [2508168](#), COBISS.SI-ID [2715784](#), COBISS.SI-ID [2810248](#), COBISS.SI-ID [2661256](#)).

V tretjo skupino uvrščamo probleme, ki so povezani s skeniranjem celotnega genoma živali in določanjem večjega števila točkovnih mutacij (snp). Število določenih točkovnih mutacij lahko naraste tudi nad 30000, informativnih pa je praviloma le kakšna desetina ali nekaj tisoč. Informacije se lahko porabijo za postavitev matrike sorodstva med genotipiziranimi živalmi. Ker orodja za določanje stopnje sorodstva že obstajajo, je smiselna le možnost vključevanja te matrike pri napovedovanju plemenskih vrednosti ali oceni komponent variance. Kompleksnost problema se poveča, ko želimo matriko dopolniti tudi z negenotipiziranimi sorodniki, ki imajo le informacije o poreklu, zbrane v okviru rodovniške službe. Možna je uporaba snp-jev tudi za napovedovanje plemenskih vrednosti. Te metode še niso dovolj razvite in doživljajo številne nove poskuse in preobrazbe. Tako jih še nismo vključili in ponudili v programskem paketu, kar pa ostaja naš cilj. Podatki z velikim številom točkovnih mutacij nam v tej fazi so nam dostopni šele pred kratkim, zato je ta del šele v razvoju.

4. Ocena stopnje realizacije zastavljenih raziskovalnih ciljev⁴

V projektu smo dosegli raziskovalne cilje in do večjih odstopanj ni prišlo. Zaradi dostopnosti do podatkov in zlasti zaradi potreb smo za razvoj in testiranje računalniških programov uporabili podatke pri ovcah in razširili raziskavo na določanje alel in genotipa za negenotipizirane živali s kompleksnimi porekli. Poleg tega smo aplicirali mešane modele v grafično predstavitev v programskem paketu BUGS, ki omogoča hitro aplikacijo novih metod pri raziskovalnem delu.

5. Utemeljitev morebitnih sprememb programa raziskovalnega projekta oziroma sprememb, povečanja ali zmanjšanja sestave projektne skupine⁵

Do manjših odstopanj je prišlo pri razvoju programske opreme. Izkazalo se je, da je kar več problemov mogoče obdelati že z obstoječimi statističnimi paketi. Za raziskovalne namene smo ugotovili, da je za enkrat, dokler so algoritmi še v razvoju, primernejša uporaba programskega paketa BUGS, ki uporablja grafično predstavitev statističnega modela. V tem paketu smo preizkusili statistične modele z različnimi posebnostmi, ki jih pogosto apliciramo v živinoreji.

6. Najpomembnejši znanstveni rezultati projektne skupine⁶

Znanstveni rezultat			
1.	Naslov	SLO	Napovedovanje verjetnosti genotipov in izpeljane statistike za PrP lokus pri jezersko-solčavski ovci
		ANG	Inference of genotype probabilities and derived statistics for PrP locus in the Jezersko-Solcava sheep
	V podatkih smo imeli 3669 genotipiziranih ovc, v poreklo pa smo zajeli vsega 10429 živali. Prisotnih je bilo pet PrP alel z naslednjo frekvenco: ARR 0.174,		

	Opis	SLO	AHQ 0.074, ARH 0.083, ARQ 0.632, and VRQ 0.037. Uporabili smo iterativni algoritem luščenja z nepopolno penetranco iz paketa GenoProb. Dodatnih določitev genotipov je bilo sorazmeroma malo, izpeljane statistike pa omogočajo selekcijo.
		ANG	The data consists of 3669 animals genotyped, while pedigree data contained 10429 animals. Five PrP alleles were present with the following frequency: ARR 0.174, AHQ 0.074, ARH 0.083, ARQ 0.632, and VRQ 0.037. Iterative peeling algorithm with incomplete penetrance model as implemented in GenoProb was used. There were only some additional identifications of PrP genotype. Nevertheless, the statistics purposed can be used for selection.
	Objavljeno v		GORJANC, Gregor, KOVAČ, Milena, KOMPAN, Drago. Inference of genotype probabilities and derived statistics for PrP locus in the Jezersko-Solcava sheep. Livest. sci.. [Print ed.], 2010, vol. 129, no. 2/3, str. 232-236.
	Tipologija		1.01 Izvirni znanstveni članek
	COBISS.SI-ID		2571400
2.	Naslov	SLO	Maščobnokislinska sestava mesa in maščobnega tkiva pri krškopoljskem prašiču in komercialnih pitancih v Sloveniji
		ANG	Fatty acid composition of meat and adipose tissue from Krškopolje pigs and commercial fatteners in Slovenia
	Opis	SLO	Delo prikazuje fenotipske razlike v maščobnokislinski sestavi mesa in maščobnega tkiva pri avtohtoni pasmi in sodobnih komercialnih pitancih. Pri avtohtoni pasmi je večji delež enkrat nenasičenih maščobnih kislin in manjši delež tako nasičenih kot večkrat nenasičenih. To je v prid tako tehnološki kakovosti kot prehranski vrednosti mesa avtohtone pasme.
		ANG	Phenotype differences in fatty acid composition were reported for meat and adipose tissue from local breed and commercial fatteners in Slovenia. There were more monosaturated fatty acids and less saturated as well as polysaturated fatty acids in local breed. This determines its better technological as well as nutritional quality of meat from local breed.
	Objavljeno v		FURMAN, Marjeta, MALOVRH, Špela, LEVART, Alenka, KOVAČ, Milena. Fatty acid composition of meat and adipose tissue from Krškopolje pigs and commercial fatteners in Slovenia. Arch. Tierz., 2010, vol. 53, št. 1, str. 73-84.
	Tipologija		1.01 Izvirni znanstveni članek
	COBISS.SI-ID		2577544
3.	Naslov	SLO	Asociacijska analiza SNP označevalcev gena FTO z rastjo in klavnimi lastnostmi pri paternalnih polbratskih družin pri slovenskem lisastem govedu
		ANG	Association analysis of FTO gene SNP markers with growth/carcass traits in paternal half-sib families of Slovenian simmental cattle
	Opis	SLO	V populaciji slovenskega lisastega goveda iz progenega testa (169 polbratov in 31 očetje) smo genotipizirali 12 najbolj informativnih SNP označevalcev. Statistična analiza je potrdila hipotezo, da gen FTO vpliva na lastnosti zamaščevanja - SNP rs41636320 A>T, ki se nahaja v intronu 6, je bil statistično značilno povezan z deležem loja (p = 0,0127).
		ANG	In population of Slovenian Simmental bulls from the national progeny test programme of Slovenian Simmental bulls (169 half-sib brothers and 31 sires), we genotyped 12 the most informative SNP markers. Statistical analysis confirmed the hypothesis that FTO gene affects fat deposition - SNP rs41636320 A>T located in intron 6 showed statistically significant association with body fat percentage (P = 0, 0127).
	Objavljeno v		HORVAT, S., RENČELJ, A., KUNEJ, T., RAZPET, A., JEVŠINEK SKOK, D., DOVČ, P., ŽGUR, S., PETRIČ, N., PLANINC, M., MALOVRH, Š., KOVAČ, M. Association analysis of the fat mass and obesity-associated (FTO) gene SNP markers with growth/carcass traits in paternal half-sib families of Slovenian simmental cattle. V: ERHARDT, Georg (ur.). 9th WCGALP, Leipzig, Germany August 1-6, 2010. Proceedings. Leipzig: Gesellschaft für Tierzuchtwissenschaften, cop. 2010, str. PP3-34, 0361.
	Tipologija		1.08 Objavljeni znanstveni prispevek na konferenci
	COBISS.SI-ID		2706568
4.	Naslov	SLO	Bazalni mitohondrialni transkripcijski kompleks: primerjalna genomika in njena povezava z zalogami telesne maščobe in maščobno- kislinsko sestavo
		ANG	The basal mitochondrial transcription complex : comparative genomics and

		ANG	its associations with body fat deposition and fatty acid composition
	Opis	SLO	Mitochondrijski transkripcijski faktorji A (TFAM), B1 (TFB1M) ter B2 (TFB2M) in mitohondrijska RNA polimeraza (POLRMT) sestavljajo mitohondrijski DNA transkripcijski mehanizem. Preučevali smo vpliv mehanizma na nalagane maščobnega tkiva in metabolizem maščobnih kislin. Tri mutacije genov TFAM, TFB1M and POLRMT so značilno povezane s temi lastnostmi pri govedu. Naši rezultati potrjujejo pomembno vlogo transkripcijskega kompleksa v metabolizmu maščob in kandidatne gene, katere je potrebno vključiti tudi v raziskave debelosti pri človeku.
		ANG	Mitochondrial transcription factor A (TFAM), B1 (TFB1M) and B2 (TFB2M) and mitochondrial RNA polymerase (POLRMT) form so-called mitochondrial DNA transcription machinery. We studied effect of this machinery on body fat deposition and fatty acid metabolism. Three mutations in TFAM, TFB1M and POLRMT were significantly associated with body fat deposition and fatty acids composition in beef cattle. Our results suggest that the basal mitochondrial transcription complex plays an important role in lipid metabolism and may be considered as candidate genes for obesity research in humans.
	Objavljeno v		JIANG, Zhihua, KUNEJ, Tanja, MICHAL, Jennifer J., DANIELS, Tyler F., GASKINS, Charles Thorne, BUSBOOM, Jan Roger, DOVČ, Peter, WRIGHT, Raymond W. The basal mitochondrial transcription complex : comparative genomics and its associations with body fat deposition and fatty acid composition. <i>Obesity</i> , 2008, vol. 16, suppl. 1, str. S255.
	Tipologija		1.08 Objavljeni znanstveni prispevek na konferenci
	COBISS.SI-ID		2372232
5.	Naslov	SLO	Selekcija na majhno telesno maso pri miniaturnem goettingenskem prašiču
		ANG	Breeding for low body weight in Goettingen minipigs
	Opis	SLO	V prispevku je uporabljena naključna regresija za rast pri prašičih. Metodo smo pred tem preizkusili na materialu naših bikov iz progenega testa bikov. Pri miniaturnih Goettingenskih prašičih rastna krivulja nima tipične sigmoidne oblike, ampak je rast počasna in enakomerna. Model z naključno regresijo tako ni bistveno bolje pojasnil poteka rasti kot enostavnejši modeli. Podobne rezultate lahko pričakujemo tudi pri drugih počasno rastočih populacijah živali.
		ANG	Random regression as previously developed for growth in bulls progeny tested was applied in pigs. Growth curve in Goettingen minipigs does not have a typical sigmoidal shape. Growth rate is slow and more or less uniform. Random regression did not model growth much better than simpler models. Similar results can be expected by other populations, expressing slow growth.
	Objavljeno v		KÖHN, F., SHARIFI, A.R., TÄUBERT, H., MALOVRH, Špela, SIMIANER, H. Breeding for low body weight in Goettingen minipigs. <i>J. anim. breed. genet.</i> (1986), 2008, letn. 125, št. 1, str. 20-28.
	Tipologija		1.01 Izvirni znanstveni članek
	COBISS.SI-ID		2245000

7. Najpomembnejši družbeno-ekonomsko relevantni rezultati projektne skupine⁶

			Družbeno-ekonomsko relevantni rezultat
1.	Naslov	SLO	Ocenjevanje verjetnosti pojavljanja alelov pri posameznikih in populacijah s kompleksnimi rodovniki
		ANG	Estimation of population and individual allele probabilities in complex pedigrees
	Opis	SLO	Primerjali smo modificirano iterativno metodo luščenja in aproksimativno metodo linearnega mešanega modela v primeru nepopolne penetrance in večalelnih genov. V genotipizirani populaciji daje slednja dovolj dobre rezultate za praktično uporabo, pri prednikih pa ne prevladujejo predpostavljene vrednosti frekvenc. Poleg matematičnega zapisa so linearni mešani modeli tudi grafično predstavljeni. Izvedene metode ponujajo kvantitativnim genetikom orodja pri raziskovalnem in strokovnem delu.
			Modified iterative peeling method and mixed model methodology were compared in case of incomplete penetrance model and multiple alleles. In

		ANG	population genotyped, the last one gives sufficient approximations of true values for use in practice, while in ancestors, the probabilities assumed did not prevail. Mathematical presentation of linear mixed models are translated into graphical form. The quantitative geneticists got an efficient methods for research as well as routine work.
	Šifra		D.09 Mentorstvo doktorandom
	Objavljeno v		GORJANC, Gregor. Estimation of population and individual allele probabilities in complex pedigrees : doctoral dissertation = Ocenjevanje verjetnosti pojavljanja alelov pri posameznikih in populacijah s kompleksnimi rodovniki : doktorska disertacija. Ljubljana: [G. Gorjanc], 2010. XV, 122 f., ilustr., preglednice.
	Tipologija		2.08 Doktorska disertacija
	COBISS.SI-ID		2590088
2.	Naslov	SLO	Kakovost mesa in maščobnega tkiva slovenskih lokalnih genotipov prašičev
		ANG	Meat and fat quality of Slovenian local pig genotypes
	Opis	SLO	Opravljen je primerjava kakovosti podkožnega maščobnega tkiva in mesa v najdaljši hrbtni mišici krškopoljske pasme (KP) in tradicionalnih genotipov. Maščobnokislinska sestava avtohtone pasme je bila ugodnejša iz prehranskega in tehnološkega vidika. Tudi opazovane lastnosti kakovosti mesa so ugodnejše pri KP.
		ANG	In the paper, we studied the quality of subcutaneous fat and meat in M. longissimus dorsi of Krškopolje pig and commercial genotypes. Fatty acid composition of indigenous local breed was favorable from nutritional as well as technological point of view. The same is true for meat quality traits.
	Šifra		D.09 Mentorstvo doktorandom
	Objavljeno v		ŽEMVA, Marjeta. Kakovost mesa in maščobnega tkiva slovenskih lokalnih genotipov prašičev : doktorska disertacija s področja živilstva = Meat and fat quality of Slovenian local pig genotypes : doctoral dissertation. Ljubljana: [Biotehniška fakulteta]: [M. Žemva], 2010. XIV, 136 f., [10] f. pril., ilustr., preglednice.
	Tipologija		2.08 Doktorska disertacija
	COBISS.SI-ID		3823736
3.	Naslov	SLO	Povezava polimorfizma g.276T>G v genu FTO z lastnostmi zamaščenosti pri krškopoljskem prašiču in hibridu 12.
		ANG	Association between polymorphism g.276T>G in teh FTO and fatness : related traits in Krškopolje pig and hybrid 12
	Opis	SLO	Analizirali smo vpliv polimorfizma g.276T> G v genu FTO na lastnosti zamaščenosti in maščobno kislinsko sestavo. V poskus je bilo vključenih 23 živali iz slovenske avtohtone pasme prašičev - Krškopoljski prašič in 24 živali hibrida 12. Dokazali smo močno povezavo med g.276T> G v genu FTO in nasičenih, n-3/n-6 polinenasičenih maščobnih kislin in aterogenim indeksom intramuskularne maščobe. Prav tako je bila statistično značilna povezava med polimorfizmom g.276T> G v genu FTO in mono oz polinasičenimi maščobnimi kislinami v hrbtni slanini.
		ANG	The aim of the study was to analyze the effect of polymorphism g.276T>G in FTO gene on fatness traits and fatty acid composition for intramuscular fat in M. Longissimus dorsi and backfat in Slovenian pig population. Experiment involved 23 animals of Slovenian local breed Krškopolje pig and 24 animals of hybrid 12. Strong association between g.276T>G in FTO gene and saturated, n-3/n-6 polyunsaturated fatty acids and aterogenic index in intramuscular fat was confirmed. The significant effect was also observed on mono- and polyunsaturated fatty acid in backfat.
	Šifra		B.03 Referat na mednarodni znanstveni konferenci
	Objavljeno v		FLISAR, Tina, ŽEMVA, Marjeta, KUNEJ, Tanja, MALOVRH, Špela, DOVČ, Peter, KOVAČ, Milena. Association between polymorphism g.276T>G in teh FTO and fatness : related traits in Krškopolje pig and hybrid 12
	Tipologija		1.08 Objavljeni znanstveni prispevek na konferenci
	COBISS.SI-ID		2706568
4.	Naslov	SLO	

		ANG	
	Opis	SLO	
		ANG	
	Šifra		
	Objavljeno v		
	Tipologija		
	COBISS.SI-ID		
5.	Naslov	SLO	
		ANG	
	Opis	SLO	
		ANG	
	Šifra		
	Objavljeno v		
	Tipologija		
	COBISS.SI-ID		

8. Drugi pomembni rezultati projektne skupine⁸

Grafična upodobitev mešanega modela in aplikacija v paketu BUGs, ki omogoča Bayesov pristop v statistiki, predstavljata veliko pridobitev na raziskovalnem področju v živinoreji. Poenostavi predstavitev modela in omogoča uporabo učinkovitih orodij za reševanje problemov, za katere smo do sedaj nismo imeli orodij in smo bili odvisni od lastnih programerskih spretnosti, in je izvedljiva tudi za kompleksne modele za genetsko vrednotenje živali.

Izvedli smo enotedenski tečaj Fortran 90 (24.-30. 9. 2007), namenjenega računalniščemu centru VIT Verden v Nemčiji. Tečaj je bil namenjen njihovem razvojnemu oddelku, ki deluje na področju razvoja programske opreme. Tako je poleg posebnosti fortrana 90 in 95 vključeval elemente, ki izhajajo iz numerične analize pri delu s sistemi enačb in z novostmi iz statistične obdelave podatkov. Tako je bilo obravnavan pristop k naključni regresiji, modelom z dominanco, križanji.

Izvedli smo tudi dvodnevni tečaj »Analyses of longitudinal data using statistical package VCE« za podiplomske študente na Univerzi Georg-August Gottingen (Nemčija, 29. in 30.11.2010). Sodelovanje s skupino na področju napovedovanja plemenskih vrednosti se je pričelo že prej na posameznih projektih, kjer imamo tudi skupne objave.

Na dvodnevni kolokviju na Univerzi na Dunaju (9.-10.11.2010) smo obravnavali podobno tematiko. Obravnavali smo uporabo naključne regresije za napoved persistence pri govedu. Raziskava je tudi že v zaključni fazi in je v pripravi članek za objavo.

Omenjena dela niso neposredno vezana na tematiko, ki smo jo v projektu obravnavali, pač pa smo v sodelovanju ponudili metodiko in programska orodja, ki v projekti skupini nastajajo. Prenos programske opreme v prakso, pedagoško in raziskovalno dejavnost lahko zaznamo kar z nekajletnim zamikom.

9. Pomen raziskovalnih rezultatov projektne skupine⁹

9.1. Pomen za razvoj znanosti¹⁰

SLO

Rezultati projektne skupine služijo znanosti po dveh poteh. V skupini razvijamo programska orodja za napovedovanje plemenskih vrednosti in ocenjevanje komponent variance na selekcioniranih vzorcih v sodelovanju s tujimi partnerji. Z razvojem statističnih metod in njihovimi aplikacijami v programske pakete, ki so poznani po splošnosti, učinkovitosti in enostavni uporabi, ponujamo tako znanstvenikom kot živinorejski industriji orodja, ki so primerna za uporabo brez večjih priprav. O tem govorijo številni citati v znanstvenih člankih, nič manj pa ni naved v strokovnih prispevkih živinorejske industrije.

Drugi del raziskav pa je daje prispevek k poznavanju rasti in klavnih lastnosti kombiniranih pasem goveda, v katere v zadnjem obdobju močno vnašajo gene iz populacij z mlečno usmeritvijo. Raziskave na področju rasti z naključno regresijo so že naletele na mednarodni odziv, saj prav uporabljena metoda omogoča proučevanje poteka splošne rastne krivulje za

celotno ali dele populacij in specifičnih rastnih krivulj za živali (genetsko determinirano), permanentna ali skupna okolja (npr. črede, gnezda). Genetsko determinacijo rasti in klavnih lastnosti proučujemo tako iz dveh vidikov. Poleg že omenjenega kvantitativnega pristopa smo proučevali vpliv posameznih genov in njihovih točkovnih sprememb, ki so znani po vplivu na zamaščenost trupov. Povezave so povezane z usmeritvijo in načinom reje.

ANG

Results of the project group serve science in two ways. Our group in cooperation with foreign partners develops software tools for prediction of breeding values and estimation of variance components on selected samples. With development of statistical tools and their implementation in software packages, which are known to be universal, effective and easy to use, we offer to scientists and livestock industry tools that are easy for use without significant preparation. This is demonstrated by a number of citations in scientific papers, as well as by the practical contributions of livestock industry.

The second part of the research is giving a contribution to the knowledge of growth and carcass traits in dual-purpose breeds of cattle, in which genes from dairy populations were introduced recently. Researches on the growth by random regression models was already gained the international response, since it allows to study the overall growth curve for the whole or parts of population specific growth curves for animals (genetically determined), permanent or common environment (eg, herd, litter). Genetic determination of growth and carcass traits was studied in two aspects. In addition to the quantitative approach mentioned above, we studied the effect of individual genes and their point mutations that have known effect on carcass fatness. Relationships are connected to production orientation and production type.

9.2. Pomen za razvoj Slovenije¹¹

SLO

Rezultati raziskav so pridobljeni na slovenskih populacijah goveda, ovc in prašičev in se lahko neposredno prenesejo v prakso. Tudi za naše populacije so dostopna tako programska orodja kot znanja. Sama aplikacija zahteva še nekaj korakov, med katere sodi tudi validacija rezultatov in primerjava s predhodnimi rutinami, kar je že v teku. Znanja pa se vključujejo tudi v naš pedagoški proces.

ANG

Most results are obtained from data and material in Slovene populations of cattle, sheep and pigs. Therefore, they can be applied directly into breeding programs. The routine applications require some additional steps like validation and comparison of results with old procedures. Some are already in the process. New knowledges are incorporated in curriculum in animal science classes.

10. Samo za aplikativne projekte!

Označite, katerega od navedenih ciljev ste si zastavili pri aplikativnem 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	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.02	Pridobitev novih znanstvenih spoznanj	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.03	Večja usposobljenost raziskovalno-razvojnega osebja	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE

	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.04	Dvig tehnološke ravni	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.05	Sposobnost za začetek novega tehnološkega razvoja	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.06	Razvoj novega izdelka	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.07	Izboljšanje obstoječega izdelka	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.08	Razvoj in izdelava prototipa	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.09	Razvoj novega tehnološkega procesa oz. tehnologije	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.10	Izboljšanje obstoječega tehnološkega procesa oz. tehnologije	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.11	Razvoj nove storitve	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.12	Izboljšanje obstoječe storitve	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	

F.13	Razvoj novih proizvodnih metod in instrumentov oz. proizvodnih procesov	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.14	Izboljšanje obstoječih proizvodnih metod in instrumentov oz. proizvodnih procesov	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.15	Razvoj novega informacijskega sistema/podatkovnih baz	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.16	Izboljšanje obstoječega informacijskega sistema/podatkovnih baz	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.17	Prenos obstoječih tehnologij, znanj, metod in postopkov v prakso	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.18	Posredovanje novih znanj neposrednim uporabnikom (seminarji, forumi, konference)	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.19	Znanje, ki vodi k ustanovitvi novega podjetja ("spin off")	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.20	Ustanovitev novega podjetja ("spin off")	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.21	Razvoj novih zdravstvenih/diagnostičnih metod/postopkov	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.22	Izboljšanje obstoječih zdravstvenih/diagnostičnih metod/postopkov	

	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.23	Razvoj novih sistemskih, normativnih, programskih in metodoloških rešitev	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.24	Izboljšanje obstoječih sistemskih, normativnih, programskih in metodoloških rešitev	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.25	Razvoj novih organizacijskih in upravljavskih rešitev	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.26	Izboljšanje obstoječih organizacijskih in upravljavskih rešitev	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.27	Prispevek k ohranjanju/varovanje naravne in kulturne dediščine	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.28	Priprava/organizacija razstave	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.29	Prispevek k razvoju nacionalne kulturne identitete	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.30	Strokovna ocena stanja	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.31	Razvoj standardov	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	

	Uporaba rezultatov	
F.32	Mednarodni patent	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.33	Patent v Sloveniji	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.34	Svetovalna dejavnost	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	
F.35	Drugo	
	Zastavljen cilj	☐ DA ☐ NE
	Rezultat	
	Uporaba rezultatov	

Komentar

--

11. Samo za aplikativne projekte!**Označite potencialne vplive oziroma učinke vaših rezultatov na navedena področja**

	Vpliv	Ni vpliva	Majhen vpliv	Srednji vpliv	Velik vpliv	
G.01	Razvoj visoko-šolskega izobraževanja					
G.01.01.	Razvoj dodiplomskega izobraževanja	☐	☐	☐	☐	
G.01.02.	Razvoj podiplomskega izobraževanja	☐	☐	☐	☐	
G.01.03.	Drugo:	☐	☐	☐	☐	
G.02	Gospodarski razvoj					
G.02.01	Razširitev ponudbe novih izdelkov/storitev na trgu	☐	☐	☐	☐	
G.02.02.	Širitev obstoječih trgov	☐	☐	☐	☐	
G.02.03.	Znižanje stroškov proizvodnje	☐	☐	☐	☐	
G.02.04.	Zmanjšanje porabe materialov in energije	☐	☐	☐	☐	
G.02.05.	Razširitev področja dejavnosti	☐	☐	☐	☐	
G.02.06.	Večja konkurenčna sposobnost	☐	☐	☐	☐	
G.02.07.	Večji delež izvoza	☐	☐	☐	☐	
G.02.08.	Povečanje dobička	☐	☐	☐	☐	
G.02.09.	Nova delovna mesta	☐	☐	☐	☐	

G.02.10.	Dvig izobrazbene strukture zaposlenih	☐	☐	☐	☐	
G.02.11.	Nov investicijski zagon	☐	☐	☐	☐	
G.02.12.	Drugo:	☐	☐	☐	☐	
G.03	Tehnološki razvoj					
G.03.01.	Tehnološka razširitev/posodobitev dejavnosti	☐	☐	☐	☐	
G.03.02.	Tehnološko prestrukturiranje dejavnosti	☐	☐	☐	☐	
G.03.03.	Uvajanje novih tehnologij	☐	☐	☐	☐	
G.03.04.	Drugo:	☐	☐	☐	☐	
G.04	Družbeni razvoj					
G.04.01	Dvig kvalitete življenja	☐	☐	☐	☐	
G.04.02.	Izboljšanje vodenja in upravljanja	☐	☐	☐	☐	
G.04.03.	Izboljšanje delovanja administracije in javne uprave	☐	☐	☐	☐	
G.04.04.	Razvoj socialnih dejavnosti	☐	☐	☐	☐	
G.04.05.	Razvoj civilne družbe	☐	☐	☐	☐	
G.04.06.	Drugo:	☐	☐	☐	☐	
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	☐	☐	☐	☐	
G.07.02.	Prometna infrastruktura	☐	☐	☐	☐	
G.07.03.	Energetska infrastruktura	☐	☐	☐	☐	
G.07.04.	Drugo:	☐	☐	☐	☐	
G.08.	Varovanje zdravja in razvoj zdravstvenega varstva	☐	☐	☐	☐	
G.09.	Drugo:	☐	☐	☐	☐	

Komentar

--

12. Pomen raziskovanja za sofinancerje, navedene v 2. točki [12](#)

1.	Sofinancer		
	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			
2.	Sofinancer		
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			
3.	Sofinancer		
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			

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, za objavo 6., 7. in 8. točke na spletni strani <http://sicris.izum.si/> 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:

Milena Kovač	in	
podpis vodje raziskovalnega projekta		zastopnik oz. pooblaščen oseba RO

Kraj in datum:

Ljubljana

21.4.2011

Oznaka poročila: ARRS-RPROJ-ZP-2011-1/146

¹ Zaradi spremembe klasifikacije družbeno ekonomskih ciljev je potrebno v poročilu opredeliti družbeno ekonomski cilj po novi klasifikaciji. [Nazaj](#)

² Samo za aplikativne projekte. [Nazaj](#)

³ Napišite kratko vsebinsko poročilo, kjer boste predstavili raziskovalno hipotezo in opis raziskovanja. Navedite ključne ugotovitve, znanstvena spoznanja ter rezultate in učinke raziskovalnega projekta. Največ 18.000 znakov vključno s presledki (približno tri strani, velikosti pisave 11). [Nazaj](#)

⁴ Realizacija raziskovalne hipoteze. Največ 3.000 znakov vključno s presledki (približno pol strani, velikosti pisave 11). [Nazaj](#)

⁵ 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 (obrazložitev). V primeru, da sprememb ni bilo, to navedite. Največ 6.000 znakov vključno s presledki (približno ena stran, velikosti pisave 11). [Nazaj](#)

⁶ Navedite največ pet najpomembnejših znanstvenih rezultatov projektne skupine, ki so nastali v času trajanja projekta v okviru raziskovalnega projekta, ki je predmet poročanja. Za vsak rezultat navedite naslov v slovenskem in angleškem jeziku (največ 150 znakov vključno s presledki), rezultat opišite (največ 600 znakov vključno s presledki) v slovenskem in angleškem jeziku, navedite, kje je objavljen (največ 500 znakov vključno s presledki), izberite ustrezno šifro tipa objave po Tipologiji dokumentov/del za vodenje bibliografij v sistemu COBISS ter napišite ustrezno COBISS.SI-ID številko bibliografske enote.

Navedeni rezultati bodo objavljeni na spletni strani <http://sicris.izum.si/>.

PRIMER (v slovenskem jeziku):

Naslov: Regulacija delovanja beta-2 integrinskih receptorjev s katepsinom X;

Opis: Cisteinske proteaze imajo pomembno vlogo pri nastanku in napredovanju raka. Zadnje študije kažejo njihovo povezanost s procesi celičnega signaliziranja in imunskega odziva. V tem znanstvenem članku smo prvi dokazali... (največ 600 znakov vključno s presledki)

Objavljeno v: OBERMAJER, N., PREMŽL, A., ZAVAŠNIK-BERGANT, T., TURK, B., KOS, J.. Carboxypeptidase cathepsin X mediates $\beta 2$ - integrin dependent adhesion of differentiated U-937 cells. Exp. Cell Res., 2006, 312, 2515-2527, JCR IF (2005): 4.148

Tipologija: 1.01 - Izvirni znanstveni članek

COBISS.SI-ID: 1920113 [Nazaj](#)

⁷ Navedite največ pet najpomembnejših družbeno-ekonomsko relevantnih rezultatov projektne skupine, ki so nastali v času trajanja projekta v okviru raziskovalnega projekta, ki je predmet poročanja. Za vsak rezultat navedite naslov (največ 150 znakov vključno s presledki), rezultat opišite (največ 600 znakov vključno s presledki), izberite ustrezen rezultat, ki je v Šifrantu raziskovalnih rezultatov in učinkov (Glej: <http://www.arrs.gov.si/sl/gradivo/sifranti/sif-razisk-rezult.asp>), navedite, kje je rezultat objavljen (največ 500 znakov vključno s presledki), izberite ustrezno šifro tipa objave po Tipologiji dokumentov/del za vodenje bibliografij v sistemu COBISS ter napišite ustrezno COBISS.SI-ID številko bibliografske enote.

Navedeni rezultati bodo objavljeni na spletni strani <http://sicris.izum.si/>. [Nazaj](#)

⁸ Navedite rezultate raziskovalnega projekta v primeru, da katerega od rezultatov ni mogoče navesti v točkah 6 in 7 (npr. ker se ga v sistemu COBISS ne vodi). Največ 2.000 znakov vključno s presledki. [Nazaj](#)

⁹ 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](#)

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

¹¹ Največ 4.000 znakov vključno s presledki [Nazaj](#)

¹² 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](#)

Obrazec: ARRS-RPROJ-ZP/2011-1 v1.01

EC-58-F1-CA-21-E1-2D-C7-F8-B7-F5-0F-44-D6-86-88-B0-A8-C8-BC