



Povzetek projekta Po kreativni poti do znanja 2016/2017 za namen objave in predstavitve na spletni strani sklada

1. Polni naslov projekta:

MEDNARODNO PRIMERLJIVA STANDARDIZACIJA PODATKOVNE BAZE O SESTAVI
PREHRANSKIH DOPOLNIL

- V katero področje na prvi klasifikacijski ravni KLASIUS-P se uvršča projekt glede na vsebinsko zasnovu (neustrezno področje izbrišite):

7 - Zdravstvo in sociala

2. V sodelovanju z: (navede se univerza oz. samostojni visokošolski zavod, ki je prijavil projekt in članica, ki je nosilka projekta ter partnerja – podjetja, ki je/sta vključena v projekt)

BIOTEHNIŠKA FAKULTETA, Univerza v Ljubljani, Jamnikarjeva 101, SI-1000 Ljubljana
RES-PONS, svetovanje in posredništvo d.o.o., Parmova 14, SI-1000 Ljubljana
INSTITUT JOŽEF STEFAN, Jamova 39, SI-1000 Ljubljana

3. Besedilo:

- Opredelite problem, ki se je razreševal tekom izvajanja projekta

Podjetje RES-PONS d.o.o. se ukvarja s strokovnim izobraževanjem svojih strank (t.j. farmacevtov, zdravnikov in dietetikov). Podjetje je edino v Sloveniji, ki spremlja tržišče prehranskih dopolnil že vse od leta 2011. Podjetje je vzpostavilo bazo prehranskih dopolnil (P3 Professional), prisotnih na slovenskem tržišču, ki jo tedensko dopolnjujejo in usklajujejo.

Namen predlaganega projekta je bil standardizirati pretvorbo deklariranih sestavin izdelkov v obstoječi podatkovni bazi podjetja RES-PONS d.o.o. v skladu z mednarodnimi standardi v izbranih kategorijah po P3 klasifikaciji. V ta namen smo najprej poiskali in strukturirali mednarodna poimenovanja in kodiranje posameznih sestavin prehranskih dopolnil (v skladu s *Food data structure and format standard* (BS EN 16104:2012)), ki so razvidna v mednarodnem podatkovnem sistemu EuroFIR (www.eurofir.org).

Nadalje, posamezne glavne sestavine prehranskih dopolnil smo zapisali v ločena polja podatkovne baze, prav tako pa smo v ločenih poljih razdelali navedbo enot. Kjer je bilo potrebno, smo dodali povsem nove opisne kategorije (denimo taksonomske kategorije v skupini prehranskih dopolnil, ki vsebujejo alge). V bazo smo ustrezno dodali EuroFIR kodiranje tistih sestavin, za katere so bile kode določene. Kodiranje omogoča neposredno prevedbo na sistem FoodEx2, ki ga je vzpostavila EFSA (European Food Safety Authority). Po tem, ko smo izvedli strukturiranje poimenovanja glavnih sestavin in navedbe njihovih količin v izbranih kategorijah baze, smo pri vsaki kategoriji prehranskih dopolnil izpostavili ključne vsebinske težave pri navajanju glavnih sestavin v virih podatkov, to je na deklaracijah izdelkov na trgu, ki smo jih zaznali pri obdelovanih kategorijah.

Čeprav tega v prvotni prijavi projekta nismo predvideli, smo se zaradi množice izpostavljenih pomanjkljivosti deklaracij prehranskih dopolnil odločili za dodatno aktivnost in sicer za pripravo obsežnejšega strokovnega besedila za izdelke v kategoriji Alge. V strokovnem besedilu smo izpostavili parametre, ki so ključni za pripravo deklaracij in s tem posledično omogočijo ustrezen vnos sestavin v standardizirane celice baze, poleg tega pa so temelj za informirano izbiro končnega potrošnika. Besedilo »Alge kot glavna sestavina prehranskih dopolnil« (ISBN 978-961-92925-8-7) je zainteresirani javnosti brezplačno dostopno na spletnem naslovu podjetja.

- Opišite potek reševanja problema oz. kratek povzetek projekta

Za namen PKP projekta »Mednarodno primerljiva standardizacija podatkovne baze o sestavi prehranskih dopolnil« smo izvedli sledeče aktivnosti:

1. Izvedli smo parametrizacijo sestavin prehranskih dopolnil v izbranih kategorijah.
S pomočjo podatkov v mednarodnem podatkovnem sistemu EuroFIR smo poiskali kode in strukturirali kodiranje sestavih posameznih kategorij prehranskih dopolnil. Ugotovili smo, da EuroFIR sistem še ne vsebuje kod za vse sestavine, ki so na trgu. Pomanjkljivo je zlasti kodiranje za probiotike, zaradi česar smo na EuroFIR podali predlog za določitev dodatnih kod.
2. Strukturirali smo navajanje probiotikov in njihovih količin.
Ugotovili smo številne pomanjkljivosti deklaracij, kot so pomanjkljivo (ali neobstoječe) navajanje bakterijskih sevov, neustrezno ali nezadostno navajanje količin in nezadostnost EuroFIR kod.

Strukturirali smo navajanje vitaminov in njihovih količin.

Ugotovili smo, da se na deklaracijah prehranskih dopolnil pojavljajo precej različna poimenovanja istovrstnih sestavin in različne enote, zato smo pripravili strukturiran pregled različnih poimenovanj in uporabljenih enot.

Strukturirali smo navajanje mineralov in njihovih količin.

Ugotovili smo, da so proizvodne oblike posameznih mineralov precej različne, zato smo različne oblike s pomočjo preračunov pretvorili na isti imenovalec.

Strukturirali smo navajanje alg in njihovih količin.

Ugotovili smo, da je navajanje posameznih vrst alg na deklaracijah pomankljivo pri večjem številu produktov. Zaradi večje informativnosti smo v podatkovno bazo dodali dodaten parameter, ki opredeljuje sistematsko razvrstitev alg.

3. Izpostavili smo ključno pomanjkljivost podatkov o izdelkih v kategoriji Aminokislina.
Ugotovili smo, da deklaracije večine produktov ne navajajo jasno, ali se posamezna aminokislina v prehranskem dopolnilu nahaja v prosti ali v beljakovino vezani obliki, kar znatno oteži nadaljnje vsebinsko strukturiranje podatkov.
4. Pripravili smo strokovno besedilo »Alge kot glavna sestavina prehranskih dopolnil« (ISBN 978-961-92925-8-7).
Ugotovili smo, da je predpogoj za strukturiranje baze dovolj kakovostnih informacij o posameznem izdelku oz. zadostna kvaliteta njihovih deklaracij. Zato smo zbrane informacije v okviru PKP projekta dodatno razdelali in nadgradili v strokovno besedilo, ki je na spletni strani podjetja brezplačno javno na voljo.

- Navedite in opišite rezultate projekta ter njihov doprinos k družbeni koristnosti

V okviru projekta je prišlo do neposrednega prenosa akademskega znanja v gospodarsko sfero. Izvedli smo parametrizacijo posameznih sestavin prehranskih dopolnil v skladu z mednarodnimi EuroFIR standardi.

Standardizacija podatkovne baze prehranskih dopolnil P3 Professional omogoča učinkovitejše delo zaposlenim podjetja, pa tudi oblikovanje predloga zakonodajalcu za vpeljavo uporabniku prijaznega vrstnega reda navajanja sestavin na deklaracijah ter za sistem pretvorbe različnih poimenovanj količin sestavin v skupno mersko enoto.

4. Priloge:

- Slikovno gradivo: Priložite vsaj dve sliki npr. sliko končnega produkta, sliko študentov pri delu na projektu, sliko s sestankov ipd. Pri pošiljanju slik bodite pozorni, v kolikor

gre za končni produkt, da bo zadoščeno zahtevam glede informiranja in obveščanja (ustrezni logotipi itd.).

ALGE KOT GLAVNA SESTAVINA P REH RANSKIH DOPOLNIL

Alge kot glavna sestavina prehranskih dopolnil

Avtorice: Martina Puc, Jemeja Kožar, Breda Škedelj, Zala Vidic, Petra Golja

Recenzentka: Martina Bačič

Izdal in založil: Založba COVIRIAS, Parmova 14, 1000 Ljubljana

www.pretehtajte.si, telefon: 01 23 22 097, info@covirias.si

Ljubljana, julij 2017

1. izdaja

Brezplačna publikacija

Publikacija je izdana v elektronski obliki v formatu pdf.

Publikacija je objavljena na spletni povezavi: www.pretehtajte.si

CIP - Kataložni zapis o publikaciji
Narodna in univerzitetna knjižnica, Ljubljana

663/664:003.29(0.034.2)

613.292:003.29(0.034.2)

ALGE kot glavna sestavina prehranskih dopolnil [Elektronski vir] / Martina Puc ... [et al.]. - 1. izd. - El. knjiga. - Ljubljana : Covirias, 2017

Način dostopa (URL): www.pretehtajte.si

ISBN 978-961-92925-8-7 (pdf)

1. Puc, Martina

290696192

2

Sklepi o izdaji



RESPONS
REPUBLICA SLOVENIJA



Javni inšpeksijski nazivni,
invalidski in prehranski
sklad Republike Slovenije



REPUBLIKA SLOVENIJA
MINISTRSTVO ZA IZOBRAŽEVANJE,
ZNANOST IN ŠPORT



EVROPSKA UNIJA
EVROPSKI
SOCIALNI SKLAD
NAJDEJA V VAŠO PRIHODNOST

Projekt sofinancirata Republika Slovenija in Evropska unija iz Evropskega socialnega sklada.

Povzetek projekta Po kreativni poti do znanja 2016/2017 za namen objave in predstavitve na spletni strani sklada

1. Polni naslov projekta: Daljinsko in bližnje zaznavanje suše - DABLIS

- V katero področje na prvi klasifikacijski ravni KLASIUS-P se uvršča projekt glede na vsebinsko zasnovu (neustrezno področje izbrišite):

6 - Kmetijstvo, gozdarstvo, ribištvo, veterinarstvo

2. V sodelovanju z: (navede se univerza oz. samostojni visokošolski zavod, ki je prijavil projekt in članica, ki je nosilka projekta ter partnerja – podjetja, ki je/sta vključena v projekt)

UL Biotehniška fakulteta; UL Fakulteta za gradbeništvo in geodezijo; Panvita, kmetijstvo in pridelava hrane d.d.; Center odličnosti Vesolje, znanost in tehnologije

3. Besedilo:

- Opreделите problem, ki se je razreševal tekom izvajanja projekta

Ukrepi blaženja posledic suše v primerjavi s škodo, ki nastane v kmetijstvu, ne prinašajo zelenih učinkov. Zato je pomembna uvedba sistemov ukrepanja za pravočasno zaznavanje suše in omilitev njenih posledic. K temu nas zavezuje tudi izvajanje v letu 2008 sprejete Strategije in aktivnosti v okviru Akcijskega načrta prilagajanja slovenskega kmetijstva in gozdarstva podnebnim spremembam.

Razvoj daljinskega zaznavanja z vedno večjo prostorsko in časovno ločljivostjo in nove tehnike obdelave satelitskih posnetkov omogočajo vrednotenje vegetacijskih indeksov, ki odražajo stanje vegetacije (rast, stres) in posledično razvoj sistemov za sledenje suše z namenom zmanjševanja njenih posledic. Prav tako na takšnih tehnologijah temelji tudi vedno več sistemov npr. za podporo odločanju o namakanju v Evropi in svetu.

Visoko ločljivi optični posnetki satelita Sentinel-2 omogočajo spremljanje vegetacije med razvojem in rastjo, ko so rastline izpostavljene različnim vrstam stresa, ki jih povzročajo abiotiski in biotski dejavniki. Za pravilno interpretacijo razpoznanega stanja s satelitom je potrebno izmerjene vrednosti primerjati z meritvami na terenu. Te vključujejo meritve vsebnosti vode v tleh, vsebnosti oz. razpoložljivosti vode v rastlinah, meritve s stresom povezanih fizioloških parametrov (fotokemična učinkovitost) in meritve rasti parametrov (npr. indeks listne površine, LAI). Na ta način lahko ugotovimo, kdaj za rastlino dejansko nastopi sušni stres (oz. ali je zaznana sprememba na satelitski sliki v resnici posledica sušnega stresa) oziroma časovni zamik med zaznavo sušnega stresa na satelitskih posnetkih in zaznavo v naravi.

Vmesno možnost tovrstne primerjave nudi večspektralno snemanje vegetacijskih indeksov z manjše višine (50 do 200 m) z uporabo brezpilotnih letalnikov. Prostorska ločljivost je pri tem pristopu močno izboljšana, zato sta zajem in interpretacija prostorskih podatkov lahko natančnejša. Želeli smo preveriti uporabnost brezpilotnih letalnikov za zajem bližnjelikovnih posnetkov iz zraka za namene zaznavanja suše na kmetijskih površinah. Opredeliti je bilo potrebno pravilne tehnične parametre za snemanje, kot so višina snemanja, število in razporeditev oslonilnih točk, signalizacija oslonilnih točk, preizkus programske opreme ipd., da dobimo primerne izdelke za nadaljno uporabo (oblak točk, ortofoto). Zagotoviti je potrebno tudi skupno georeferenčno osnovo za povezovanje različnih vrst opazovanj (terenske meritve, slike z letalnika, satelitske slike).

V projektu DABLIS smo primerjali rezultate meritev: (1) količine vode v tleh, (2) indeksa listne površine (LAI) in (3) relativne vsebnosti vode v rastlini, (4) vsebnosti klorofila in fotokemične učinkovitosti, z rezultati snemanja (5) z brezpilotnimi letalniki in (6) s satelitskimi slikami. Namen projekta je bil ugotoviti medsebojno povezljivost naštetih meritev na isti časovni in prostorski skali

za povečano zanesljivost interpretacije satelitskih slik z namenom zaznavanja suše.

- **Opišite potek reševanja problema oz. kratek povzetek projekta**

Primerjava rezultatov zgoraj naštetih meritev je potekala v več datumih preleta satelita nad obravnavanim območjem v času rastle sezone 2017 na modelni rastlini, ki je bila v tem primeru koroza. Za potrebe projekta smo na njivah podjetja Panvita d.d. na dveh testnih lokacijah v okolici Rakičana na lahkih in v okolici Beltinec na težkih tleh (obe lokaciji sta v okolici Murske Sobote) vzpostavili po dve poskusni parceli (40 m x 40 m), sestavljeni iz štirih podparcel velikosti 20 m x 20 m, kar je velikost celice, katere lastnost zabeleži satelit. Na vsakem testnem območju je bila ena od parcel namakana in druga ne. Obravnavanja v poskusu so bila torej sledeča: lahka nenamakana tla (LNE), lahka namakana tla (LNA), težka nenamakana tla (TNE) in težka namakana tla (TNA).

Na obeh testnih območjih smo določili položaje oslonilnih točk za georeferenciranje podatkov. Predhodno smo preverili tudi vidnost tarč na slikah v vidnem delu spektra in na multispektralnih slikah. Oslonilne točke smo nato na terenu stabilizirali in izmerili z geodetskimi metodami.

S pomočjo vgrajenih Time Domain Reflectometry (TDR) sond (ena sonda na vsaki podparceli) smo vsakih 30 minut merili vsebnost vode v tleh na vseh podparcelah v globini 20 cm. Dodatno smo v izbranih datumih preleta satelita s pomočjo prenosne TDR sonde merili tudi njeno prostorsko variabilnost na isti globini (Priloga 1).

Vrednotenje stanja posevka z meritvami indeksa listne površine (LAI) smo opravili z namenom kalibracije podatkov daljinskega zaznavanja (NDVI vs. biomasa). Potekala so 7 krat v sezoni od začetka junija do septembra. Za meritve smo uporabili ceptometer. Tekom poletja smo v treh terminih na vzorcih listov s posameznih podparcel izmerili relativno vsebnost vode, vsebnost klorofila ter potencialno fotokemično učinkovitost.

Snemanja z letalnikom smo opravili večkrat tekom rastle koroze, čim bližje ostalim meritvam na terenu. Predvsem smo se osredotočili na poletni čas, ko je možnost suše največja. Posnetke RGB in multispektralne posnetke smo fotogrametrično obdelali (izdelava bloka posnetkov, merjenje slikovnih koordinat oslonilnih točk, izravnava bloka, izdelava gostega oblaka točk in ortofota), pri čemer smo multispektralne posnetke najprej radiometrično kalibrirali, s čimer smo omogočili primerljivost posnetkov med datumi snemanja. Za obravnavano območje smo za vsak termin snemanja izračunali več vegetacijskih indeksov (NDVI, GNDVI, NDRE). Tako pridobljene karte vegetacijskih indeksov so služile za primerjavo s satelitskimi posnetki in za povezavo s kontaktnimi meritvami pri in v tleh.

Opravili smo analize satelitskih slik z računanjem vegetacijskega indeksa NDVI z računalniškim programom ArcGIS. Le-te smo v letu 2017 pridobili v razmaku od 3 do 7 dni. Skladno s termini preletov satelitov smo določili tudi dneve za ostale terenske meritve na izbranih poligonih. Satelitski posnetki Sentinel-2 so bili pridobljeni iz arhiva Evropske vesoljske agencije in obdelani s procesno verigo STORM, ki je bila razvita na ZRC SAZU in CO Vesolje-SI. Veriga vsebuje več samodejnih korakov, ki so razdeljeni v predobdelavo in obdelavo. Predobdelava je sestavljena iz geometrijskih in radiometričnih popravkov, obdelava ustvarja tematske proizvode, ki so namenjeni končnim uporabnikom. Pri geometrijskih popravkih lahko upoštevamo model snemalnega sistema ali opravimo transformacijo na osnovi kontrolnih točk. Radiometrični popravki so potrebni zaradi sprememb v osvetlitvi scene in šuma senzorjev. Opravljeni so z namenom primerjave podob, zajetih ob različnih časih ali z različnimi senzorji (Oštir, 2006).

- **Navedite in opišite rezultate projekta ter njihov doprinos k družbeni koristnosti**

Meritve količine vode v tleh v obravnavanem obdobju so pokazale razlike med lahkimi in težkimi ter med namakanimi in nenamakanimi tlemi.

Meritve LAI so jasno pokazale manjšo količino zelene listne biomase na lahkih nenamakanih tleh (LNE) v primerjavi z drugimi parcelami (namakana lahka, nenamakana in namakana težka), kjer je bil LAI primerljiv. Podobno zmanjšanje in razlike med obravnavanji smo v julijskih meritvah opazili tudi pri vsebnosti klorofila in fotokemične učinkovitosti. Relativna vsebnost vode v rastlinah jasno

odraža učinek namakanja. Na lahkih tleh listi nenamakanih rastlin ob vseh terminih vsebujejo manj vode in tudi manj klorofila kot listi namakanih rastlin. Na težkih tleh razlik v vsebnosti klorofila prvem terminu ni, nakazujejo se v drugem terminu in jasno izrazijo ob tretjem terminu. Fotokemična učinkovitost rastlin, ki so rastle na težkih tleh je pri namakanih in nenamakanih rastlinah podobna. Na lahkih tleh pa je ob zmanjšani razpoložljivosti vode manjša, kar kaže na stresno stanje rastlin.

Tudi vegetacijski indeksi, ki smo jih pridobili iz snemanj z letalnikom, so pokazali najnižje vrednosti indeksa na nenamakanih lahkih tleh, drugje pa so bile vrednosti primerljive. To kaže na dobro ujemanje z meritvami LAI in višine rastlin, deloma pa tudi pridelka zrnja. Za napoved so bile ustrezne zgodnjepoletne meritve, meritve v poznejšem delu poletja pa so že izrazili učinki dozorevanja posevkov in manj učinki suše, kar kaže na to, da je za sklepanje o učinkih suše zelo pomembna izbira ustreznega datuma daljinskega zaznavanja. Podobne rezultate smo dobili pri izračunavanju vseh treh indeksov, vendar pa so bile razlike največje za indeks GNDVI (Priloga 2) in nekoliko manjše za NDVI.

S pomočjo satelitskih slik smo določili sušnost območja z interpolacijo vrednosti vegetacijskega indeksa NDVI, ki pokaže različne vrednosti indeksa znotraj posevka – obravnavanih poligonov. Višje vrednosti indeksa smo ugotovili pri težjih namakanih tleh (TNA) in nižje pri lahkih nenamakanih tleh (LNE), kar se je odražalo tudi ob koncu sezone v pridelku zrnja, ki je bil večji pri težkih in namakanih tleh ter najmanjši pri LNE (Priloga 3). Koruza je v sredini faze metličenja (sredina julija) dosegala najvišje vrednosti vegetacijskega indeksa NDVI.

Rezultati projekta DABLIS so potrdili veliko zanesljivost satelitskih slik Sentinel 2, kar je še posebej pomembno v slovenskem prostoru, kjer so kmetijske parcele praviloma manjše kot v večini ostalih evropskih držav in so bili dosedanja satelitski posnetki manjše ločljivosti praviloma manj uporabni. Pridobljeni rezultati bodo v nadaljevanju raziskav omogočili tudi natančnejšo kalibracijo daljinskega zaznavanja.

Enoten sistem spremljanja suše za zmanjševanje njenih posledic v kmetijstvu in gozdarstvu in podpore odločanja o namakanju ter napovedovanja požarne ogroženosti omogoča najracionalnejšo večnamensko uporabo satelitskih posnetkov za celotno območje države. Uporabljeni posnetki satelitov Sentinel imajo zagotovljeno delovanje za naslednjih 20 let.

4. Literatura:

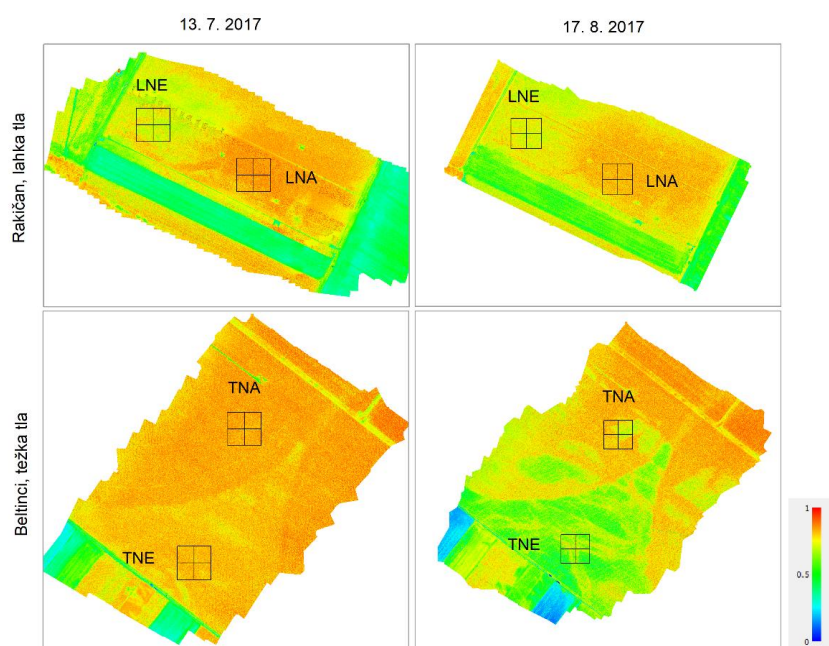
Oštir K. 2006. Daljinsko zaznavanje. Ljubljana, Inštitut za antropološke in prostorske študije ZRC SAZU: 250 str.

5. Priloge:

Priloga 1: Merjenje količine vode v tleh s prenosno sondo na njivi podjetja Panvita d.d. v okolici Murske Sobote v okviru projekta PKP Daljinsko in bližnje zaznavanje suše – DABLIS v letu 2017.



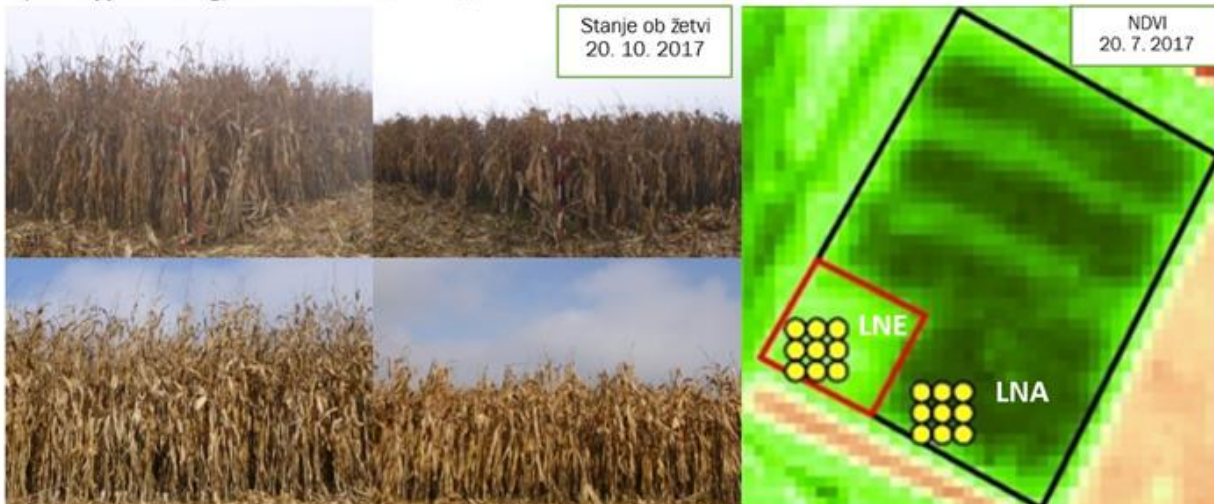
Priloga 2: Vrednosti vegetacijskega indeksa GNDVI v zadnjih dveh terminih multispektralnega snemanja z letalnikom. Snemanje je potekalo v okviru projekta PKP Daljinsko in bližnje zaznavanje suše - DABLIS v letu 2017 na njivah podjetja Panvita d.d. v okolici Murske Sobote na lokaciji Rakičan in na lokaciji Beltinci. Oznake LNE, LNA, TNE in TNA pomenijo lahka nenamakana, lahka namakana, težka nenamakana in težka namakana tla.



Priloga 3: Primerjava rezultatov na podlagi satelitskih slik izračunanega vegetacijskega indeksa NDVI sredi sezone 2017 (temnejša barva pomeni višjo vrednost indeksa, t.j. bolj vitalne rastline) in slike koruze ob pobiranju pridelka za zrnje. Številke ob slikah označujejo povprečno višino rastlin in količino pridelanega zrnja pri 12 % vlažnosti. Poskus je potekal v okviru projekta PKP Daljinsko in bližnje zaznavanje suše - DABLIS v letu 2017 na njivah podjetja Panvita d.d. v okolici Murske Sobote na lokaciji Rakičan (lahka tla) in na lokaciji Beltinci (težka tla).

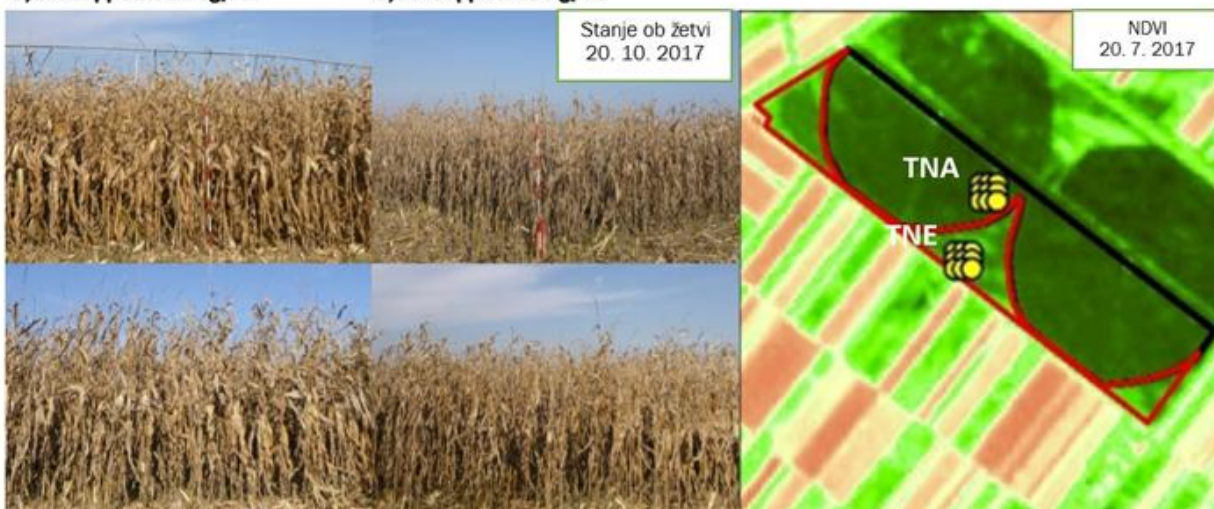
Lahka tla—namakano (LNA)
3,30 m || 14.949 kg/ha

Lahka tla—nenamakano (LNE)
2,30 m || 2.870 kg/ha



Težka tla—namakano (TNA)
3,20 m || 12.711 kg/ha

Težka tla—nenamakano (TNE)
2,70 m || 8.645 kg/ha



Povzetek projekta Po kreativni poti do znanja 2016/2017 za namen objave in predstavitve na spletni strani sklada

1. **Polni naslov projekta:** Črevesna mikrobiota nosečnic z gestacijskim diabetesom in pojav makrosomije

- **V katero področje na prvi klasifikacijski ravni KLASIUS-P se uvršča projekt glede na vsebinsko zasnovo** (neustrezno področje izbršite):

4 - Naravoslovje, matematika in računalništvo

2. **V sodelovanju z:** (navede se univerza oz. samostojni visokošolski zavod, ki je prijavil projekt in članica, ki je nosilka projekta ter partnerja – podjetja, ki je/sta vključena v projekt) **Univerza v Ljubljani – Biotehniška fakulteta (BF) in OMEGA d.o.o. ter Univerzitetni klinični center Ljubljana (UKC Ljubljana)**

3. **Besedilo:**

- **Opreделите problem, ki se je razreševal tekom izvajanja projekta**

Črevesna mikrobiota ima zaradi svojih interakcij z gostiteljem pomembno vlogo za razvoj in zdravje človeka. Raziskave so razkrile, da je neravnovesje mikroorganizmov mikrobiote, imenovana disbioza, povezano z imunskimi in metabolnimi obolenji, vključno z debelostjo in sladkorno boleznijo. Znano je, da prenatalno okolje, v katerem se razvija plod, lahko izzove pojav bolezni otrok in odraslih. Fakultativna anaerobna bakterija *Escherichia coli* (*E. coli*) je pomemben predstavnik fakultativno anaerobnega dela črevesne mikrobiote. Iz blata gostitelja jo zlahka izoliramo in gojimo ter preučujemo v laboratorijskem okolju. Kot taka, je to mikroorganizem, ki bi lahko bil eden od označevalcev za spremembe v sestavi črevesne mikrobiote. Raziskave mikrobiote, primerjave ter spremljanje sestave mikrobiote zdravih in obolelih oseb, odpira možnosti zdravljenja in preprečevanja bolezni.

- **Opišite potek reševanja problema oz. kratek povzetek projekta**

Na Oddelku za diabetološko ambulantno dejavnost UKC Ljubljana smo izvajali edukacijo nosečnic o zdravem življenjskem slogu, vključno z načeli zdrave prehrane; analizirali dnevnik prehrane, izvajali odvzeme venske krvi, centrifugiranje in pipetiranje plazme za namen raziskave. Nosečnice se je tudi podučilo, kako pravilno odvzeti vzorca blata za nadaljnje analize blata.

Na Katedri za molekularno genetiko in biologijo mikroorganizmov BF se je uporabljalo različne metode dela za izolacijo nukleinskih kislin. Izolirane nukleinske kisline smo analizirali s pomočjo gelske elektroforeze. Natančno koncentracijo izoliranih nukleinskih kislin pa smo izmerili na napravi »nanodrop«.

Izolaciji DNA je nato sledil del projekta, ki je potekal na podjetju Omega d.o.o. S 16S metagenomiko smo preučili genetski material mikroorganizmov prisotnih v vzorcih blata nosečnic. Izvedba je zavzemala pomnoževanje variabilnih regij 16S rRNA, pripravo barkodiranih knjižnic, in emulzijskega PCR, obogatitev vzorcev ter sekveniranje na sekvenatorju Ion PGM™. Pridobljene podatke smo analizirali s programom Ion Reporter in tako dobili vpogled v razlike med črevesno mikrobioto nosečnic, s tem pa delno pojasnili vpliv črevesne mikrobiote na pojav makrosomije.

Na Katedri za molekularno genetiko in biologijo mikroorganizmov BF je potekal še del, ki je bil vezan na *E. coli*. Na tem delu projekta smo najprej s testom indol potrdili, da gre za *E. coli*. Nato smo pripravili bakterijske lizate, ki smo jih uporabili v različnih reakcijah PCR. Z metodo ERIC-PCR smo pridobili za posamezne lizate profile ERIC-PCR, na podlagi katerih smo lahko razlikovali

različne izolate/seve. Delo je obsegalo tudi pripravo trdnih in tekočih gojišč ter shranjevanje sevov pri $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$. Pripravljene bakterijske lizate smo nato uporabili za genotipizacijo s PCR. Pomnožke PCR smo analizirali z agarozno gelsko elektroforezo. Z uporabo transiluminatorja smo glede na velikost pomnožkov sklepali o prisotnosti/odsotnosti preučevanih genov v DNA seva. S precepljanjem sevov na selekcijska gojišča z antibiotiki smo fenotipsko določili seve odporne proti določenim antibiotikom (izvedba antibiograma).

- Navedite in opišite rezultate projekta ter njihov doprinos k družbeni koristnosti

V delu projekta, ki je potekal na Oddelku za diabetološko ambulantno dejavnost UKC Ljubljana, se je pridobivalo kandidatke za vključitev v raziskavo, klinična obravnava pacientk in pa pridobivanje in zbiranje podatkov za namen raziskave. V raziskavo smo tako vključili 58 nosečnic, ki so imele gestacijski diabetes melitus (GDM).

V delu projekta, ki je potekal na Katedri za molekularno genetiko in biologijo mikroorganizmov BF, se je nato pridobljene vzorce blata analiziralo. Na projektu smo uspešno izolirali DNA. Koncentracija izolirane DNA je bila med 54 in 85 ng/ μl . Naredili smo tudi več poskusnih izolacij RNA, ki pa niso bile uspešne.

Izolaciji DNA je nato sledil del projekta, ki je potekal na podjetju Omega d.o.o. S pomočjo sodobnih tehnologij smo prišli do podatkov o sestavi črevesne mikrobiote. Primerjali smo razlike v sestavi črevesne mikrobiote nosečnic s prekomerno telesno težo, v drugem in tretjem trimesečju. Najočitnejše spremembe v zastopanosti različnih družin bakterij, so se pokazale pri družinah Succinivibrionaceae, Prevotellaceae, Bacteroidaceae in Acidaminococcaceae. Rezultati nakazujejo na povezanost sestave črevesne mikrobiote s pojavom makrosomije.

Na Katedri za molekularno genetiko in biologijo mikroorganizmov BF je potekal še del, ki je bil vezan na karakterizacijo *E. coli*, izoliranih iz blata nosečnic. V tem delu smo najprej pridobili izolate *E. coli*, zatem smo s testom za indol potrdili identifikacijo in nato z ERIC-PCR razlikovali izolate in seve. Med izolati *E. coli* iz 17 žensk smo tako našli največ 5 različnih sevov pri posamezni ženski. V nadaljnjo genotipizacijo smo tako vzeli 69 različnih sevov. Z uporabo metod tripleks in kvadrupleks filoPCR smo seve uvrstili v filogenetske skupine, z metodo PCR pa dokazali prisotnost genov za adhezine - *fimH* (76,8 %), *papGIII* (16,1 %), *sfaDE* (16,1 %), *afa/draBC* (3,6 %) in gena za dvofunkcijski enterobaktin receptor/adhezin *lha* (23,2 %). Gena *papGII* nismo mogli pomnožiti pri nobenem preučevanem sevu. Nadalje smo dokazali prisotnost gena *hlyA* pri 16 %, genov *clbAQ* in *cnf1* pa pri 18 %, gena *iucD* pri 21 %. Prisotnost gena *ireA* in *cdt* nismo mogli potrditi pri nobenem preučevanem vzorcu, odsek gena *usp* pa smo uspeli pomnožiti le v 1 vzorcu. Nadalje smo na projektu tudi na selekcijskih gojiščih preverjali odpornost izolatov *E. coli* proti antibiotikom in genotipsko testirali tudi za gen *qnr*, ki smo ga odkrili le pri enem izolatu. Testirali smo tudi za gene encimov CTX-M, katerih prisotnost pa nismo mogli potrditi.


S sodelovanjem v projektu je podjetje Omega d.o.o. pridobilo dragocene izkušnje z analizo novega tipa vzorcev. Analiza človeške mikrobiote predstavlja izredno hitro razvijajoče se področje, objave o povezavah mikrobnih združb z zdravjem človeka pa doživljajo izjemno odmevnost. Z izvedbo projekta smo v laboratoriju podjetja postavili referenčno aplikacijo, kar bo omogočilo nudenje podobnih storitev oz. rešitev drugim partnerjem, ki jih zanimajo sorodne klinične analize. Prav tako nam bodo osnovni podatki, pridobljeni v sklopu projekta, omogočili nadaljnjo optimizacijo postopka in, upamo, še večjo ekonomičnost analiz v prihodnosti. V sklopu projekta smo izvedli tudi prenose znanj o najsodobnejši tehnologiji, ki jo uvajamo v slovenski prostor, kar bo povečalo njeno prepoznavnost in olajšalo uporabo v prihodnosti. Nenazadnje pa je projekt tudi izboljšal poznavanje razvojno usmerjene kulture v podjetju in s tem povečal prepoznavnost celotnega podjetja na trgu.

Strokovnjaki s kliničnega področja so se seznanili s tehničnimi podrobnostmi izolacije in spremljanja sestave mikrobiote vzorca blata. Preko na novo vzpostavljenih komunikacijskih kanalov, predavanj in izvajanja raziskave so lahko bolje razumeli tehnične zahteve za kvaliteten odvzem vzorca blata, zaradi česar lahko bolje svetujejo bolnikom pred oddajo vzorca. Rezultati projekta so tudi spodbuda za nadaljnje iskanje načinov, kako z analizo vzorca blata napovedati, katere nosečnice imajo večje tveganje za porod makrosomnega otroka in tudi, kako preko analize mikrobiote poiskati načine

4. Priloge:

- Slikovno gradivo: Priložite vsaj dve sliki npr. sliko končnega produkta, sliko študentov pri delu na projektu, sliko s sestankov ipd. Pri pošiljanju slik bodite pozorni, v kolikor gre za končni produkt, da bo zadoščeno zahtevam glede informiranja in obveščanja (ustrezni logotipi itd.).


Priloženi so pdf posterjev z rezultati tega projekta, ki smo jih imeli predstavljene na srečanju Slovenskega genetskega društva, na 6. kolokviju iz genetike, ki je bilo septembra 2017 v Ljubljani.



Analysis of antibiotic resistances among *Escherichia coli* isolated from feces of pregnant women with gestational diabetes

Žana Lovšin, Jerneja Ambrožič Avguštin, Darja Žgur Bertok, Marjanca Starčič Erjavec

University of Ljubljana, Biotechnical Faculty, Department of Biology, Slovenia



INTRODUCTION

The intestinal microbiota is the largest microbial ecosystem of human microbiome and is very important for biological processes throughout the human lifetime. It is recognized to play vital roles in maintaining host health and has a profound effect on human diseases. It also plays a major role as a natural reservoir of bacterial resistance to antibiotics. One of the first colonizers of the gut after birth is the facultative anaerobe *Escherichia coli*, its diverse population includes harmless commensal, probiotic and deadly pathogenic strains. The number of resistant strains is increasing among bacterial pathogens and is reaching alarming levels.

AIM

In our study, we wanted to determine how often certain resistances occurred among *E. coli* strains isolated from fecal samples in second and in third trimester of pregnant women. Further, the aim of our study was to determine bacterial resistance patterns of women who gave birth to a macrosomic baby and those who gave birth to a normal sized baby. Based on resistance profiles differences in number of *E. coli* strains were estimated.

MATERIAL AND METHODS

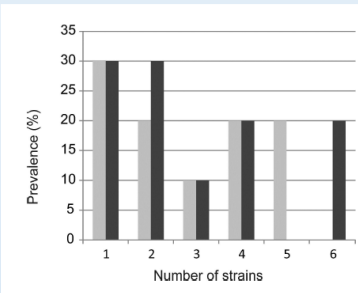
Bacterial strains. *E. coli* isolates were obtained from feces of pregnant women in the period between March and July 2017. Each woman gave two fecal samples, one in 2nd and one in 3rd trimester.

Resistance profile. *E. coli* isolates were grown on selection plates - LB plates supplemented with one of the following antibiotics: ampicillin, tetracycline, streptomycin, sodium azide, chloramphenicol, kanamycin, ceftriaxone, nalidixic acid, ciprofloxacin or ceftazidime.

Genotypization for CTX-M and *qnr*. A multiplex PCR for *qnrA*, *qnrB* and *qnrS* was made for pools of 5 lysates. Lysates from positive pools were individually retested. In case needed, the PCR specificity was determined with two different primer annealing temperatures (54 °C and 58 °C). Also, the CTX-M was assayed in pools of 5 lysates. Lysates from positive pools were individually retested.

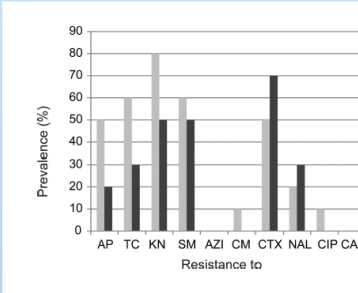
RESULTS AND DISCUSSION

Prevalence of women (in %) with a certain number of strains is given in Figure 1. Prevalence of women (in %) with a certain antibiotic resistance is given in Figure 2.



| Number of strains | 2 nd trimester (%) | 3 rd trimester (%) |
|-------------------|-------------------------------|-------------------------------|
| 1 | 30 | 30 |
| 2 | 20 | 30 |
| 3 | 10 | 10 |
| 4 | 20 | 20 |
| 5 | 20 | 0 |
| 6 | 0 | 20 |

Figure 1: Prevalence of women (in %) with a certain number of strains in 2nd and 3rd trimester. N=10. Data of women from whom we had samples from both trimesters are shown. Data from samples of 2nd trimester are in light grey, data from samples in 3rd trimester are in dark grey.




| Resistance to | 2 nd trimester (%) | 3 rd trimester (%) |
|---------------|-------------------------------|-------------------------------|
| AP | 50 | 20 |
| TC | 60 | 30 |
| KN | 80 | 50 |
| SM | 60 | 50 |
| AZI | 0 | 0 |
| CM | 10 | 0 |
| CTX | 50 | 70 |
| NAL | 30 | 30 |
| CIP | 10 | 0 |
| CAZ | 0 | 0 |

Figure 2: Prevalence of women (in %) with a certain antibiotic resistance. N=10. Data of women from whom we had samples from both trimesters are shown. Data from samples of 2nd trimester are in light grey, data from samples in 3rd trimester are in dark grey.


No resistance to sodium azide and ceftazidime was observed among *Escherichia coli* isolates. All strains from women with macrosomic babies in the 2nd trimester were resistant to kanamycin but in the 3rd the number dropped. Only strains from women with a macrosomic baby and in the 2nd trimester were resistant to chloramphenicol and ciprofloxacin. Only one strain was positive for *qnrB* while all examined strains were negative for CTX-M.

CONCLUSION


Although our study revealed differences in bacterial antibiotic resistance prevalence, further studies with a much larger number of samples will be needed to enable us to make some definite conclusions.




Inštitut za biotehniko, Univerza na Ljubljani



REPUBLIKA SLOVENIJA
MINISTRSTVO ZA IZOBRAŽEVANJE,
ŠPORT IN ŠPORT



EVROPSKA UNIJA
EVROPSKI SKLAD
IZOBRAŽEVANJE, MLODOSTNIKI IN ŠPORT



Javna agencija
za raziskovalno dejavnost
Republike Slovenije

Dunajska cesta 22, 1000 Ljubljana

t 01 434 10 81 e info@sklad-kadri.si

www.sklad-kadri.si

11

THE PREVALENCE OF GENOTOXINS (*Usp* and *Clb*) AND CLONAL DIVERSITY ANALYSIS OF *ESCHERICHIA COLI* ISOLATES FROM WOMEN WITH GESTATIONAL DIABETES

Maja Zupan¹, Luka Predojevič¹, Katja Molan¹, Darja Žgur Bertok¹, Marjanca Starčič Erjavec¹

¹Department of Biology, Biotechnical faculty, University of Ljubljana, Slovenia

INTRODUCTION

Gestational diabetes is a health condition in which otherwise healthy women develop high levels of sugar in their blood during pregnancy. It usually first appears during pregnancy and disappears after childbirth. It is well known that human intestine microbiome can affect insulin resistance and overall metabolic health¹. *Escherichia coli* (*E. coli*) is one of the commensal bacteria residing in gastro-intestinal tract of humans².

AIM

The aim of the study was to determine clonality of *E. coli* isolates acquired from women with gestational diabetes and to reveal the prevalence of *Usp* and *Clb* genotoxin genes.

MATERIALS AND METHODS

In order to determine clonality of *E. coli* isolates ERIC-PCR was performed. Non-clonal isolates were then analysed for the presence of genotoxin genes using PCR approach. PCR was performed with *E. coli* strain lysates^{3,4}.

ERIC-PCR

| | |
|------|-------|
| 94°C | 4 min |
| 94°C | 30 s |
| 40°C | 15 s |
| 72°C | 4 min |
| 72°C | 7 min |

} 30x

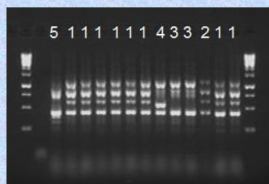
GENOTOXIN PCR

| | |
|------|-------|
| 94°C | 4 min |
| 94°C | 30 s |
| 55°C | 30 s |
| 72°C | 60 s |
| 72°C | 7 min |

} 30x

RESULTS AND DISCUSSION

While the highest number of clones detected in one woman was five, most of them (41%) possessed only one clone of fecal *E. coli*. The percentage of women with five clones of *E. coli* raised from 8% in second to 25% in third trimester. A difference was also observed among slim and overweight women. The latter showed the change in the number of clones in third trimester while no difference between semesters was observed among slim women.



Different ERIC-PCR profiles of different *E. coli* clones (first and last lane: 1kb DNA ladder).

Comparison of both trimesters in the same woman

| | N° of different clones | |
|--------------|------------------------|--------------|
| | 2. trimester | 3. trimester |
| Slim woman 1 | 2. trimester | 1 |
| | 3. trimester | 1 |
| Slim woman 2 | 2. trimester | 3 |
| | 3. trimester | 4 |
| Fat woman | 2. trimester | 1 |
| | 3. trimester | 5 |

Among studied *E. coli* strains *clb* was much more common than *usp*. Gene *usp* was detected only in one strain, while *clbA* along with *clbS*, was much more common. Also, *clbA* and *clbS* seem to appear together, since very few strains showed the presence of either only *clbA* or *clbS*, respectively.

CONCLUSION

Our results showed that *E. coli* strains differ from woman to woman in number of clones during second and third trimester as well as in the presence of genotoxins. It was interesting to see that the number of clones changed according to women weight. Number of *E. coli* clones rised in overweight women, while in slim ones it stayed the same. *clb* was much more common than *usp*. Having in mind the colibactin pathogenicity island structure, it was expected that most of the isolates either tested positive for both, *clbA* and *clbS*, or for none of the two.

REFERENCES

- Serflin DC, Lash RW. Diagnosis and management of gestational diabetes mellitus. *American Family Physician*. 2009; 80: 57–62
- Madigan M, Martinko J, Bender K, Buckley D, Stahl D. 2015. *Brock Biology of Microorganisms*. 14th edition. Boston, Pearson: 1030
- Johnson JR, Johnston B, Kuskowski MA, Nougyrede JP, Oswald E. Molecular epidemiology and phylogenetic distribution of the *Escherichia coli pks* genomic island. *J Clin Microbiol*. 2008; 46: 3906–3911
- Vadnov M, Barbič D, Žgur-Bertok D, Starčič Erjavec M. *Escherichia coli* isolated from feces of brown bears (*Ursus arctos*) have a lower prevalence of human extraintestinal pathogenic *E. coli* virulence-associated genes. *Can J Vet Res*, 2017; 81: 59–63



Phylogeny and virulence-associated genes among *Escherichia coli* isolated from feces of pregnant women with gestational diabetes



Ivana Sedej¹, Tina Čepin¹, Darja Žgur Bertok¹, Marjanca Starčič Erjavec¹
¹University of Ljubljana, Biotechnical Faculty, Department of Biology, Slovenia

INTRODUCTION

Escherichia coli, a Gram negative bacterium is a member of the *Enterobacteriaceae* family. It is the most abundant facultative anaerobe of human microbiota and is living in symbiosis with its host. Genetic diversity of *E. coli* is very big. The core genome consists of 2.200 genes and the complete gene pool has more than 18.000 genes. Throughout evolution some of the *E. coli* strains have acquired specific virulence factors and are therefore able to provoke various intestinal (IPEC-intestinal pathogenic *E. coli* strains) and extraintestinal infections (ExPEC-extraintestinal pathogenic *E. coli* strains). Specific virulence factors include various toxins, adhesins, factors to avoid host defense systems and mechanisms for nutrient, especially iron acquisition. *E. coli* strains can be classified into different phylogenetic groups. Members of these groups differ in their ecological niches, life-history characteristics and tendency to cause disease.

AIM

The aim of our study was to investigate, by determination of the phylogenetic group and prevalence of virulence-associated genes, the genetic diversity of *E. coli* strains isolated from feces of pregnant women with gestational diabetes, as to our knowledge in the literature there are no data about it.

MATERIAL AND METHODS

E. coli strains (56) were isolated from feces in 2nd and 3rd trimester of pregnancy. ERIC-PCR method was used to separate non clonal from clonal strains. All strains were grown either on LB plates or in liquid LB medium at 37 °C (with aeration 180 rpm). Bacterial cell lysates were preferred with the boiling method as published in Le Bouguéneq et al. (1992) and were used as origin of the matrix DNA.

For determination of the phylogenetic group two PCR methods were used, the triplex method (Clermont, 2000) and the extended quaduplex method (Clermont, 2013)

Genotypization for virulence-associated genes *fimH*, *papGII*, *papGIII*, *sfaDE*, *afa/draBC*, *iha*, *hlyA*, *clbAQ*, *cnf1*, *iucD*, *ireA* was made by using the PCR method.

CONCLUSION

We can assume that the *E. coli* strains in the gut microbiota are similar to the *E. coli* strains found in the feces of healthy humans. A further study with more included strains from pregnant women with gestational diabetes is required to confirm this assumption.

RESULTS AND DISCUSSION

As shown in Figure 1, the most prevalent virulence-associated gene, with 43 positive strains out of 56 tested *E. coli* strains (77%), proved to be the *fimH* gene, which encodes type 1 fimbriae D-mannose specific adhesin. The prevalence of other investigated virulence-associated genes, with the exceptions of *afa/draBC* and *ireA*, where around 20%. *ireA* gene was not found among the 56 tested strains.

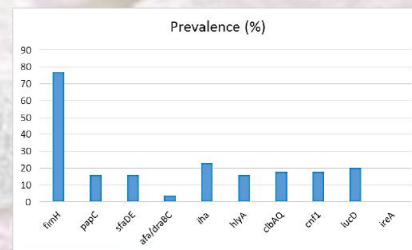


Figure 1: Prevalence (in %) of virulence-associated genes among studied *E. coli* strains, N=56

Distribution of virulence-associated genes among *E. coli* phylogenetic groups (Table 1) affirms that genes *fimH*, *papC*, *sfaDE*, *iha*, *hlyA*, *iucD*, *clbAQ*, *cnf1*, *afa/draBC*, are by far most present in B2 phylogenetic group. B2 phylogenetic group is associated with pathogenic *E. coli* strains that were isolated from extraintestinal infections. In the western human population high levels of B2 strains are expected among the gut microbiota.

| VIRULENCE-ASSOCIATED GENES | PHYLOGENETIC GROUPS BASED ON THE QUADRUPLIX PCR METHOD (CLERMONT, 2013) | | | | | | |
|----------------------------|---|----|----|---------------|----|---|--|
| | A | B1 | B2 | CLADE I OR II | E | U | |
| <i>fimH</i> | 13 | 0 | 19 | 0 | 10 | 1 | |
| <i>papC</i> | 0 | 0 | 9 | 0 | 0 | 0 | |
| <i>sfaDE</i> | 0 | 0 | 9 | 0 | 0 | 0 | |
| <i>afa/draBC</i> | 0 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | |
| <i>iha</i> | 2 | 0 | 9 | 0 | 0 | 1 | |
| <i>hlyA</i> | 0 | 0 | 9 | 0 | 0 | 0 | |
| <i>clbAQ</i> | 0 | 1 | 7 | 0 | 2 | 0 | |
| <i>cnf1</i> | 0 | 1 | 7 | 0 | 2 | 0 | |
| <i>iucD</i> | 3 | 0 | 8 | 0 | 0 | 0 | |
| <i>ireA</i> | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | |

Table 1: Distribution of virulence-associated genes among *E. coli* phylogenetic groups. The prevalence is given as the total number





GUT MICROBIOTA OF PREGNANT WOMEN WITH GESTATIONAL DIABETES AND MACROSOMIA

Andreja Petrič¹, Beti Kužnik², Marija Medved³, Simon Koren¹, Darja Žgur-Bertok⁴, Katja Molan¹, Melita Cajhen¹, Draženka Pongrac Barlovič^{4*}, Marjanca Starčič Erjavec⁵

¹ University of Ljubljana, Biotechnical Faculty, Department of Biology, Slovenia; ² University of Ljubljana, Faculty of Health Sciences, Slovenia; ³ Omega d.o.o., Slovenia; ⁴ University Medical Center Ljubljana, General Department of Endocrinology, Diabetes and Metabolic Diseases, Slovenia; ⁵ University of Ljubljana, Medical Faculty, Slovenia



INTRODUCTION

Imbalance in the composition of gut microbiota plays an important role in the emergence of many diseases, including diabetes and obesity. Gestational diabetes mellitus (GDM) occurs during pregnancy and ceases after childbirth. The excess glucose in the mothers' bloodstream passes through the placenta into the fetal circulation. The fetus subsequently begins to produce more insulin and stores additional energy in the form of body fat, which results in greater growth of the baby and macrosomia. Macrosomal infants are at an increased risk of becoming overweight at a young age and are more likely to develop type 2 diabetes later in life.

AIM

Insight into the composition of microbiota of pregnant women with GDM and the occurrence of macrosomia.

MATERIAL AND METHODS

At University Medical Center Ljubljana, we included patients with GDM and obesity and clinically evaluated them. We successfully optimized the isolation of DNA from the feces of two pregnant women, who later delivered a macrosomal baby. Mechanical homogenization and terminal pre-treatment is a key step to recover sufficient amount of DNA for further analysis. The genetic material of microorganisms was examined using 16S metagenomics and an Ion PGM™ sequencer. We compared two fecal samples taken in the second and third trimester and analyzed the data with the Ion Reporter™ program.



Figure 1: Instructions and a container suitable for collecting a stool sample

RESULTS AND DISCUSSION

Microbiota at two time points from one individual, proved to be less similar than the microbiota of two different individuals in the same time frame. The differences in intestinal microbiota composition among individuals, increased in the third trimester. Our analysis of beta diversity revealed that microbiota composition in second trimester, was characterized by a high proportion of *Prevotella copri* (*Prevotellaceae*) and *Succinivibrio dextrinosolvens* (*Succinivibrionaceae*), while other species *Phascolarctobacterium faecium* (*Acidaminococcaceae*) and *Bacteroides uniformis* (*Bacteroidaceae*) dominated in samples taken in third trimester.

Legend:

(B002, B011) samples taken in second trimester of overweight pregnant women
(IIB002, IIB011) samples taken in third trimester of overweight pregnant women



Figure 2: DNA isolation results using Qiagen kit

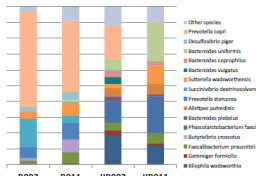


Figure 3: Top 15 bacterial species in the fecal microbiota of two overweight pregnant women with GDM in samples taken in second and third trimester

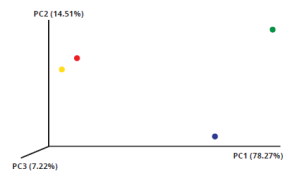


Figure 4: PCA of the bacterial community composition based on Bray-Curtis analysis. sample B002 (1) and (2) sample B011 taken in second trimester sample IIB002 (1) and sample IIB011 taken in third trimester



Figure 5: Data visualization with treemap charts

CONCLUSIONS

We proved beta diversity is increased in the third trimester probably due to differences in unique course of each pregnancy and different metabolism of each pregnant women. It is known that gut microbiota is linked with development of obesity and metabolic diseases, but our analysis could also partially explain its impact on macrosomia occurrence, however, more detailed analysis on a larger number of samples, would be necessary.

REFERENCES

Smith B. et al., Optimising Bacterial DNA Extraction from Faecal Samples: Comparison of Three Methods, *The Open Microbiology Journal* 2015, 5: 14-17, doi: 10.2174/1874265801105010014

Nasir-Othman M. et al., Microbial Changes during Pregnancy, Birth, and Infancy, *Frontiers in Microbiology* 2016, 7:1031, doi: 10.3389/fmicb.2016.01031

ACKNOWLEDGMENTS

This study was supported by the Slovene Human Resources Development and Scholarship Fund, Republic of Slovenia Ministry of Education, Science and Sport, and European Social Fund.

Povzetek projekta Po kreativni poti do znanja 2016/2017 za namen objave in predstavitve na spletni strani sklada

1. Polni naslov projekta:

Preučevanje vpliva prehranskih dodatkov s pomočjo celičnega modela

V katero področje na prvi klasifikacijski ravni KLASIUS-P se uvršča projekt glede na vsebinsko zasnovu (neustrezno področje izbršite):

4 - Naravoslovje, matematika in računalništvo

2. V sodelovanju z: (navede se univerza oz. samostojni visokošolski zavod, ki je prijavil projekt in članica, ki je nosilka projekta ter partnerja – podjetja, ki je/sta vključena v projekt)

BIOTEHNIŠKA FAKULTETA, Univerza v Ljubljani, Jamnikarjeva 101, SI-1000 Ljubljana

Valens Int., d.o.o., Poslovna cona A 35, 4208 Šenčur

3. Besedilo:

- Opredelite problem, ki se je razreševal tekom izvajanja projekta

Slovensko podjetje Valens Int. d.o.o., s katerim smo sodelovali, je svetovno priznan proizvajalec inovativnih prehranskih dopolnil in funkcionalnih surovin, ki ponujajo odgovor na izzive sodobnega načina življenja. Eden izmed njegovih najbolj prodajanih izdelkov je Quvital Q10-sirup, ki vsebuje visoko koncentracijo vodotopnega koencima Q10.

Namen projekta je bil razviti metodo za termično analizo prehranskega dodatka z diferenčno dinamično kalorimetrijo, DSC, ter prikazati pomembnost takšne analize v prehrabeni industriji in s pomočjo DSC analize, preučiti učinke prehranskih dopolnil s koencimom Q10.

Kot alternativa raziskavam na človeški populaciji, se za preučevanje učinka prehranskih dopolnil ponujajo raziskave na celičnih kulturah. V okviru projekta smo se osredotočili na preučevanje vpliva prehranskih dopolnil s koencimom Q10 pri zaščiti pred oksidativnim stresom v celicah kvasovk.

- Opišite potek reševanja problema oz. kratek povzetek projekta

Za namen preučevanja vpliva prehranskih dopolnil s koencimom Q10 pri zaščiti pred oksidativnim stresom, smo v okviru projekta PKP »Preučevanje vpliva prehranskih dodatkov s pomočjo celičnega modela« smo izvedli naslednje aktivnosti:

-Za celični model smo uporabili celice kvasovk *S. cerevisiae*.

-Celice kvasovk *S. cerevisiae* smo namnožili v ustreznem gojišču.

-Celice kvasovk *S. cerevisiae* smo izpostavili pripravkom s koencimom Q10. V ta namen smo uporabili različne izdelke podjetja Valens Int. d.o.o. s koencimom Q10, med drugim Koencim Q10 (vsebnost Q10 je 100 %), Q10Vital prah z 15 % vsebnostjo Q10, Q10Vital pasto z 7,5 % vsebnostjo Q10 in sirup Quvital Q10, ki je Valensova patentirana vodotopna oblika koencima Q10.

- Celice kvasovk *S. cerevisiae* so bile izpostavljene pripravkom s koencimom Q10, v koncentraciji 0,5 g /L (Q10).

-Vpliv koencima Q10 na znotrajcelično oksidacijo smo preverili z merjenjem fluorescence uporabljenega barvila na čitalcu mikrotitrskih plošč.

Rezultati merjenja znotrajcelične oksidacije so pokazali, da ni razlik v primeru tretiranj celic z navedenimi pripravki v testirani koncentraciji glede na kontrolo.

-Za analizo vpliva Q10 na proteinski profil z metodo DSC, smo pripravili lizat celic kvasovk *S. cerevisiae*.

- Z diferenčno dinamično kalorimetrijo smo pomerili termograme lizatov celic, s pomočjo katerih lahko spremljamo spremembe proteoma lizatov celic, ki so bile tretirane s 100 % Q10 in sirupom Quvital Q10 Forte.

Diferenčna dinamična kalorimetrija (DSC) je termična analitska tehnika s katero merimo temperaturo in toplotni tok faznih prehodov, v odvisnosti od časa in temperature. Njena uporaba v živilski industriji je zaenkrat še omejena, saj zahteva občutljiv in drag instrument ter izkušnje pri interpretaciji rezultatov termične obdelave kompleksnega matriksa. Diferenčna dinamična kalorimetrija (DSC) omogoča spremljanje fizikalno-kemijskih lastnosti surovin in prehranskih dopolnil kot funkcije temperature ali časa. Rezultate takšne analize lahko uporabimo za določanje stabilnosti in s tem kvalitete končnega izdelka.

Rezultati merjenja sprememb proteoma celic kvasovk *S. cerevisiae* z DSC: v primeru tretiranja celic s 100 % Q10 niso bile opazne razlike v primerjavi s kontrolo, profil pa se je spremenil, ko so bile celice tretirane s sirupom Quvital Q10 Forte, kar je verjetno posledica tudi ostalih komponent, ki so poleg Q10, prisotne v sirupu.

Z DSC analizo smo izmerili tudi termograme prehranskih dopolnil s koencimom Q10.

-Proteinski profil lizatov tretiranih celic smo preverili tudi z gelsko elektroforezo v prisotnosti natrijevega dodecilsulfata in z nativno elektroforezo.

Proteinski profil lizatov tretiranih celic smo preverili tudi z SDS gelsko elektroforezo in nativno elektroforezo ter ugotovili, da se profili v primerjavi s kontrolo sicer res ne razlikujejo, da pa tudi ne vplivajo negativno na celice.

-S pomočjo tekočinske kromatografije visoke ločljivosti (HPLC) smo ugotavljali vpliv UV svetlobe na stabilnost koencima Q10.

Ugotovili smo, da je prevladuje vpliv topila na stabilnost koencima Q10, ki je bil izpostavljen UV svetlobi.

- Navedite in opišite rezultate projekta ter njihov doprinos k družbeni koristnosti

V okviru projekta smo dokazali, da je diferenčna dinamična kalorimetrija primerna termična analitska tehnika, s pomočjo katere lahko podjetje razvito metodologijo uporabi za preverjanje kakovosti pripravkov na osnovi koencima Q10 z možnostjo razširitve testiranja drugih izdelkov. Prenos akademskega znanja v gospodarsko sfero je gospodarskemu partnerju potrdilo prednosti inovativne tehnike DSC pri analizi obstoječih in morebitnem razvoju novih izdelkov. V projektu predlagana tehnika DSC za analizo prehranskih dopolnil omogoča podjetju, da svojim izdelkom zviša kakovost izdelka z dodano vrednostjo.

Rezultat projekta je tudi izobraževanje in strokovno usposabljanje študentov na področju živilstva in prehrane, biotehnologije, mikrobiologije na področju, relevantnem za podjetje in tako ustvarjanje zaposeljivega kadra za podjetje.

4. Priloge:

- Slikovno gradivo: Priložite vsaj dve sliki npr. sliko končnega produkta, sliko študentov pri delu na projektu, sliko s sestankov ipd. Pri pošiljanju slik bodite pozorni, v kolikor gre za končni produkt, da bo zadoščeno zahtevam glede informiranja in obveščanja (ustrezni logotipi itd.).



Slika 1: Utrinki pri laboratorijskem delu študentov na PKP projektu ViPreDo



Slika 2: Obisk študentov, mentorjev na PKP projektu ViPreDo v podjetju Valens Int. d.o.o.

Povzetek projekta Po kreativni poti do znanja 2016/2017 za namen objave in predstavitve na spletni strani sklada

1. Polni naslov projekta:

Razvoj uporabniku prijazne akvaponike na primeru doma starejših občanov

- V katero področje na prvi klasifikacijski ravni KLASIUS-P se uvršča projekt glede na vsebinsko zasnovu (neustrezno področje izbrišite):

6 - Kmetijstvo, gozdarstvo, ribištvo, veterinarstvo

2. V sodelovanju z: (navede se univerza oz. samostojni visokošolski zavod, ki je prijavil projekt in članica, ki je nosilka projekta ter partnerja – podjetja, ki je/sta vključena v projekt)

Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta

DEOS, d.d. PE Center starejših Črnuče

PONIKA, raziskave in razvoj, d.o.o.

3. Besedilo:

- Opredelite problem, ki se je razreševal tekom izvajanja projekta

Akvaponika, hkratna pridelava zelenjave in rib v krožnem umetnem ekosistemu, ima mnoge prednosti, vendar lahko ob pomanjkanju znanja v načrtovanju in upravljanju akvaponskega sistema v primerjavi s tradicionalno pridelavo na zemlji ustvarja nove probleme, namesto rešuje. Še posebej pri akvaponskih projektih v različnih družbenih organizacijah (šole, stanovanjske skupnosti) prepogosto prihaja do napak, ki vodijo v neuspeh in s tem neracionalne porabe javnih sredstev. Navedene izzive smo v okviru projekta reševali na primeru doma za starejše občane. Želeli smo raziskati zanimanje in možnosti za vpeljavo akvaponskega vrta v domove za starejše občane in preučiti možnosti za prilagoditev akvaponskega vrta starejši populaciji.

- Opišite potek reševanja problema oz. kratek povzetek projekta

V prvi fazi projekta smo pripravili in opravili intervjuje s stanovalci izbranega doma za starejše občane ter s tem pridobili podrobne informacije o njihovih potrebah in željah po aktivnem preživljanju časa ob akvaponskem vrtu. Pri tem je bil velik poudarek na medgeneracijskem sodelovanju, saj so se s stanovalci družili ob tematskih dnevih in delavnicah. Na ta način so stanovalci doma in zaposleni navezali prvi stik z akvaponiko in urbanim kmetovanjem spoznali njeno delovanje in aktivno sodelovali z mladimi vključenimi v projekt. Problem zadostnega inženirskega znanja pri načrtovanju akvaponskih sistemov smo reševali z razvojem manjših vrtov do končne oblike produkta, visoke lesene samonamakalne gredice, ki se jo da prilagoditi in nadalje sestaviti v akvaponski vrt različnih dimenzij, prilagojen po meri uporabnika. Težave v povezavi z zagotavljanjem ustreznih količin hranil in parametrov vode smo reševali s testiranjem in razvojem samonamakalnih gred, ki so sestavljene iz spodnjega dela v katerem se nahaja rezervoar vode z inertnim polnilom in iz zgornjega dela, ki je napolnjen z zemljo. Oba dela sta med seboj ločena s posebno geo membrano. Na ta način voda in hranila s kapilarnim vlekem prehajajo v zemljo, s čimer dosežemo idealno namočenost zemlje. S poskusi s samonamakalnimi gredami in analizami parametrov vode smo pokazali, da vključitev samonamakalnih gred v akvaponiko ni problematična za zdravje rib. S testiranjem različnih mešanic zemlje in spreminjanjem nivoja vode smo optimizirali končno zgradbo samonamakalnih gred.

- Navedite in opišite rezultate projekta ter njihov doprinos k družbeni koristnosti

Projekt je spodbudil povezovanje in druženje med stanovalci doma, zaposlenimi in zunanjim okoljem. Stanovalcem visoke lesene samonamakalne grede na stojni višini omogočajo aktivno in prijetno preživljanje časa na svežem zraku, ukvarjanje z rastlinami, spremljanje njihove rasti, kar predstavlja dodano vrednost njihovem življenju v domu in ima na nekatere stanovalce doma tudi pozitiven terapevtski učinek. Na ta način smo v okviru projekta prispevali k razvoju ideje za izboljšave obstoječe domske oskrbe. Prikazali smo, da je delo na gredah na stojni višini, v

primerjavi z delom v tradicionalnem vrtu, bolj primerno za aktivno ukvarjanje starejših z vrtnarjem. V okviru projekta smo pripravili tudi izračune in navodila za upravljanje sistemov (vnos ribje hrane, dodajanje hranil, uravnavanje pH vode), ki se dopolnjujejo z izobraževalnimi vsebinami v Akvaponskem priročniku. Z razvojem in postavitvijo prototipnih samonamakalnih visokih lesenih gredic in organizacijo tematskih izobraževanj in delavnic, smo povezali vse, ki živijo, delajo in vstopajo v dom za starejše občane. Pokazali smo, da je tovrsten način vrtnarjenja dober način medgeneracijskega sodelovanja, saj mladi spoznavajo pomen lastne pridelave hrane, starejši pa pridobijo nova znanja in utrdijo smisel predajanja lastnega znanja in izkušenj mlajši generaciji. Na ta način spodbujamo medgeneracijski prenos znanja, ob hkratnem spoznavanju sodobnih inovativnih načinov pridelovanja hrane.

4. Priloge:

- Slikovno gradivo: Priložite vsaj dve sliki npr. sliko končnega produkta, sliko študentov pri delu na projektu, sliko s sestankov ipd. Pri pošiljanju slik bodite pozorni, v kolikor gre za končni produkt, da bo zadoščeno zahtevam glede informiranja in obveščanja (ustrezni logotipi itd.).



Postavitev visoke samonamakalne lesene gredice v centru starejših Črnuče (Miličič, 2017)



Zasaditev rastlin v gredico (Siegl, 2017)



Samonamakalna visoka lesena gredica na ploščadi centra starejših v Črnučah (Miličič, 2017)



Del ekipe študentov, pedagoški mentorici in delovni mentor pri gredici (Siegl, 2017)



Ogled gredice z zaposlenimi v centru starejših Črnuče (Miličič, 2017)



Zasaditev sadik jagod z delovno mentorico in stanovalci centra starejših občanov (Siegl, 2017)



Pogovor s stanovalci doma ob gredicah o urbanem kmetovanju in akvaponiki (Siegl, 2017)