

Факултет Пољопривредни

УНИВЕРЗИТЕТ У БЕОГРАДУ

33/4-4.2.

(Број захтева)

31.01.2018.

(Датум)

Веће научних области
биотехничких наука

(Назив већа научне области коме се захтев
упућује)

ЗАХТЕВ

за давање сагласности на одлуку о прихватању теме докторске дисертације и о одређивању ментора

Молимо да, сходно члану 47. ст. 5. тач. 3. Статута Универзитета у Београду ("Гласник Универзитета", број 186/15-пречишћени текст и 189/16), дате сагласност на одлуку о прихватању теме докторске дисертације:

„Генетичка структура популације Y вируса кромпира (*Potato virus Y*) пореклом са различитих
биљних врста у Србији“.

(пун назив предложене теме докторске дисертације)

НАУЧНА ОБЛАСТ Фитомедицина

ПОДАЦИ О КАНДИДАТУ:

Име, име једног од родитеља и презиме кандидата:

1.

Никола, Милинко, Радовић

2. Претходно образовање (назив и седиште факултета,
студијски програм):

Универзитет у Београду -

Пољопривредни факултет, Студијски програм
Фитомедицина

3. Година завршетка

претходног нивоа студија: 2014/2015.

4. Година уписа на докторске студије: 2015/2016.

5. Назив студијског програма
докторских студија:

Пољопривредне науке, модул Фитомедицина

ПОДАЦИ О МЕНТОРУ:

Име и презиме ментора: Ивана Станковић

Звање: ванредни професор

Списак радова који квалификују ментора за вођење докторске дисертације:

1. Milošević, D., **Stanković, I.**, Bulajić, A., Ignjatov, M., Nikolić, Z., Petrović, G., Krstić, B. (2015): Detection and molecular characterization of *Pepper mild mottle virus* in Serbia. *Genetika* (Beograd) 47: 651-663.
2. Bulajić, A., **Stanković, I.**, Vučurović, A., Ristić, D., Milojević, K., Ivanović, M., Krstić, B. (2014): *Tomato spotted wilt virus* - Potato Cultivar Susceptibility and Tuber Transmission. *American Journal of Potato Research* 91:186-194.
3. Vučurović, A., Bulajić, A., **Stanković, I.**, Ristić, D., Berenji, J., Jović, J., Krstić, B. (2012): Non-persistently aphid-borne viruses infecting pumpkin and squash in Serbia and partial characterization of *Zucchini yellow mosaic virus* isolates. *European Journal of Plant Pathology* 133: 935-947.
4. **Stanković, I.**, Bulajić, A., Vučurović, A., Ristić, D., Milojević, K., Berenji, J., Krstić B. (2011): Status of tobacco viruses in Serbia and molecular characterization of *Tomato spotted wilt virus* isolates. *Acta Virologica* 55: 337-347.
5. Bulajić, A., **Đekić, I.**, Jović, J., Krnjajić, S., Vučurović, A., Krstić, B. (2009): Incidence and distribution of *Iris yellow spot virus* on onion in Serbia. *Plant Disease* 93: 976-982.

Обавештавамо вас да је Наставно-научно веће Пољопривредног факултета

на седници одржаној 31.01.2018. размотрило предложену тему и закључило да је тема подобна за израду докторске дисертације јер садржи оригиналну идеју и да је од значаја за развој науке, примену њених резултата, односно развој научне мисли уопште.

ДЕКАН ФАКУЛТЕТА

Проф. др Милица Петровић

- Прилог
1. Одлука Наставно-научног већа о прихватању теме и одређивању ментора
 2. Извештај Комисије

Универзитет у Београду
ПОЉОПРИВРЕДНИ ФАКУЛТЕТ
Број: 33/4-4.2.
Датум: 31.01.2018. године
БЕОГРАД-ЗЕМУН

На основу члана 44. Статута Пољопривредног факултета, Наставно-научно веће факултета на седници одржаној 31.01.2018. године, донело је

О Д Л У К У

I ПРИХВАТА СЕ извештај о позитивној оцени пријаве теме докторске дисертације коју је поднео **НИКОЛА РАДОВИЋ, мастер** и одобрава израда дисертације под насловом: **«ГЕНЕТИЧКА СТРУКТУРА ПОПУЛАЦИЈЕ Y ВИРУСА КРОМПИРА (*Potato virus Y*) ПОРЕКЛОМ СА РАЗЛИЧИТИХ БИЉНИХ ВРСТА У СРБИЈИ».**

II За ментора се именује др Ивана Станковић, ванредни професор.

III На одлуку о прихватању теме докторске дисертације и одређивању ментора сагласност даје одговарајуће Веће научних области Универзитета у Београду.

**ПРЕДСЕДНИК
НАСТАВНО-НАУЧНОГ ВЕЋА
ДЕКАН**

(Проф. др Милица Петровић)

Доставити: кандидату, ментору, Институту за фитомедицину, Студентској служби и архиви.

НАСТАВНО-НАУЧНОМ ВЕЋУ
ПОЉОПРИВРЕДНОГ ФАКУЛТЕТА
УНИВЕРЗИТЕТА У БЕОГРАДУ
Датум: 04.01.2018.

Предмет: Извештај Комисије за оцену пријаве докторске дисертације кандидата Николе Радовића, мастер инжењера пољопривреде

Одлуком Наставно-научног већа Факултета број 33/3–4.2. од 27.12.2017. године именована је Комисија за оцену пријаве докторске дисертације под насловом: «ГЕНЕТИЧКА СТРУКТУРА ПОПУЛАЦИЈЕ Y ВИРУСА КРОМПИРА (*Potato virus Y*) ПОРЕКЛОМ СА РАЗЛИЧИТИХ БИЉНИХ ВРСТА У СРБИЈИ» кандидата Николе Радовића, мастер инжењера пољопривреде. Комисија у саставу: др Ивана Станковић, ванредни професор, др Бранка Крстић, редовни професор и др Данијела Ристић, научни сарадник Института за заштиту биља и животну средину, на основу увида у пријаву докторске дисертације и њене анализе, подноси следећи:

ИЗВЕШТАЈ

1. Наслов докторске дисертације

Комисија прихвата наслов докторске дисертације предложен од стране кандидата: «Генетичка структура популације Y вируса кромпира (*Potato virus Y*) пореклом са различитих биљних врста у Србији».

2. Предмет и програм истраживања

Предмет истраживања предвиђен израдом ове докторске дисертације је природна популација Y вируса кромпира (*Potato virus Y*, PVY, *Potyvirus*, *Potyviridae*) пореклом са различитих домаћина у Србији. Програм истраживања обухвата молекуларну идентификацију и карактеризацију комплетног генома изолата PVY пореклом са најзначајнијих домаћина овог вируса у Србији: кромпир (*Solanum tuberosum*), парадајз (*Solanum lycopersicum*), дуван (*Nicotiana tabacum*) и паприка (*Capsicum annuum*), прорачун генетичког диверзитета, филогенетске анализе, анализу рекомбинација и одређивање притиска на гене у циљу утврђивања потенцијалних фактора који утичу на еволуцију и састав природне популације овог вируса у нашој земљи.

PVY је први пут описан у Енглеској 1931. године као део групе вируса проузроковача мозаичног обољења кромпира (**Smith, 1931**). Данас, услед опште распрострањености и значајних штета које причињава у производњи различитих пољопривредних култура, један је од десет економски најважнијих биљних вируса. У САД, само у савезној држави Ајдахо, директне и индиректне штете, настале услед заразе усева кромпира овим вирусом, процењују се на 34 милиона долара годишње (**Lacomme et al., 2017**).

У бившој Југославији PVY је први пут описан 1968. године у усеву семенског кромпира (Кус, 1968), док су прве прецизне информације о распрострањености овог вируса у усеву кромпира у Србији добијене крајем 80.-тих година прошлог века (Милошевић, 1989). Истраживања у нашој земљи односе се, пре свега, на утврђивање појаве и распрострањености PVY на биљкама из фамилије Solanaceae укључујући кромпир (Милошевић, 1989), дуван (Ђекић, 2010) и паприку (Милошевић, 2013). Новија истраживања обухватила су и делимичну молекуларну карактеризацију изолата овог вируса, пореклом са дувана и паприке на основу секвенци P1 гена (Ђекић, 2010; Милошевић, 2013). Потпуна карактеризација на основу секвенце целог генома урађена је само за један изолат PVY пореклом из кромпира (Ristić et al. 2016).

Спектар природних домаћина PVY је широк и обухвата биљне врсте из девет различитих биљних фамилија. Међутим, већина биљака припадају фамилији Solanaceae у оквиру које су економски најзначајнији домаћини кромпир, парадајз, паприка и дуван (Lacomme et al., 2017).

Заражене кртоле кромпира и коровске врсте рода *Solanum*, али и представници других фамилија укључујући *Amaranthaceae*, *Asteraceae* и *Fabaceae* омогућавају одржавање вируса од вегетације до вегетације и представљају основни извор заразе. Ширење вируса током вегетације омогућавају вектори-биљне ваши које вирус преносе на неперзистентан начин. Као вектори вируса описано је 65 врста ваши, али се као најважнији вектори наводе врсте *Myzus persicae*, *Aphis nasturtii* и *Macrosiphum euphorbiae* (Lacomme et al., 2017).

Честице PVY су издужене, филаментозне, величине 730 x 11 nm. Геном је у виду једноланчане инфективне RNA [ss (+) RNA], дужине око 9.7 kb са ковалентно везаним VPg протеином на 5' крају и са Poly-A регионом на 3' крају (Robaglia et al., 1989). Вирусни геном преписује се у један велики полипротеин, који се дејством две вирусно кодиране протеазе сече на 10 мањих функционалних протеина. Истраживања у протеклих 10 година показују да се додатни, једанаести протеин кодира са преклапајућег оквир читања на P3 цистрону (Chung et al., 2008).

PVY је један од најваријабилнијих биљних вируса и, од његовог открића тридесетих година XX века до данас, установљено је постојање већег броја сојева као и биолошких типова у оквиру самих сојева (Lacomme et al., 2017). Изолати PVY су најпре груписани у сојеве дефинисане на основу њихових биолошких (симптоматологија и различити типови реакција сорти кромпира које носе различите гене отпорности) и серолошких карактеристика у три основне групе: PVY^O (обични сој), PVY^N (некротични сој) и PVY^C (цртчасти сој). Изолати који су били у стању да превазиђу отпорност на неким сортама кромпира сврстани су у сојеве Z и E (PVY^Z и PVY^E). Развојем молекуларне биологије и молекуларних техника детекције, идентификације и карактеризације омогућено је издвајање подгрупа у оквиру основних група сојева. Осим тога, детектовани су и рекомбинантни генотипови који су настали, разменом генетичког материјала између различитих сојева овог вируса. Две групе рекомбинантних изолата означене као NTN и Wilga први пут су, скоро истовремено, детектоване у Европи средином 80.-их година. Геном ових рекомбинантних сојева представља мозаик најчешће изграђен од сегмената генома изолата обичног и некротичног соја са 1-4 места рекомбинације. Међутим, обимна истраживања и карактеризације великог броја изолата овог вируса довела су до рекласификације неких сојева и детекције нових рекомбинација не само између сојева већ

и различитих филогенетских група у оквиру истог соја, али и између самих рекомбинаната (Chikh Ali et al., 2010a; Kerlan et al., 2011).

С обзиром да је велика варијабилност вируса условљена различитим механизмима измене генетичког материјала прилично уобичајена за вирусе *Potyvirus* рода, па и PVY, анализа природне популације PVY у нашој земљи кључна је за разумевање филогенетских међуодноса, генетичке структуре популације и епидемиолошких чинилаца као што су порекло, број интродукција и начин ширења појединих сојева, као и еволутивних механизма који омогућавају појаву нових или повећање значаја већ постојећих сојева. Применом multiplex RT-PCR методе уз коришћење сета прајмера који омогућавају умножавање и разликовање најзначајнијих рекомбинантних и нерекомбинантних сојева, затим прорачуна генетичког диверзитета и филогенетских анализа секвенци целог генома испитиваних изолата, као и анализе рекомбинација и утврђивање статистичких параметара генетичке структуре природне популације овог вируса, добиће се први подаци о генетичкој структури природне популације PVY и први подаци о факторима који обликују популацију овог вируса у нашој земљи. Односно, добиће се одговор на питање да ли на природну популацију овог вируса у Србији више утичу епидемиолошки или генетички фактори, пре свих мутације и рекомбинације.

3. Научни циљ истраживања

Основни циљ истраживања у оквиру ове дисертације је утврђивање структуре и генетичког диверзитета популације PVY пореклом са различитих домаћина и са различитих локалитета у Србији коришћењем multiplex RT-PCR методе, секвенцирања и анализе секвенци целог генома испитиваних изолата, филогенетских анализа и анализа рекомбинација, као и утврђивање статистичких параметара генетичке структуре природне популације овог вируса.

Предвиђена истраживања карактеризације изолата PVY из Србије, пореклом из различитих биљака домаћина применом различитих метода молекуларне генетике, утврдиће постојање генотипске варијабилности изолата и еволутивну повезаност између изолата из Србије, као и изолата из Србије са изолатима из других делова света, што ће допринети бољем разумевању потенцијалних фактора који утичу и обликују варирање и степен промена у оквиру популације овог вируса у нашој земљи, а све у циљу разумевања њиховог порекла и механизма одржавања и ширења у нашој земљи, како би се унапредиле постојеће мере контроле, али и успоставиле нове које ће допринети ефикасној контроли обољења које овај вирус изазива.

4. Основне хипотезе од којих се полази

Испитивања која ће се обавити приликом израде ове докторске дисертације, заснивају се на претпоставци да је PVY проузроковач учесталих и веома штетних обољења биљака фамилије Solanaceae свуда у свету, у земљама окружења, па и у Србији. Досадашња проучавања појаве, присуства и распрострањености овог вируса у нашој земљи показала су да је овај вирус економски значајан за важне пољопривредне културе као што су кромпир, дукан, парадајз и паприка, тако да ће ова истраживања заснована на принципима популационе генетике указати на начине и путеве ширења овог вируса и

омогућити даља епидемиолошка истраживања у циљу проналажења ефикаснијих стратегија контроле овог вируса у нашој земљи.

С обзиром на изражену варијабилност овог вируса претпоставља се да ће проучавање популационе генетике PVY дати веома прецизна сазнања о структури популације и генетичком диверзитету овог вируса у нашој земљи. Такође, претпоставка је да ће се анализом одређених параметара популационе генетике утврдити могући фактори који утичу на еволутивне промене, односно обликују варирање и степен промена у оквиру популације PVY у нашој земљи.

5. Материјал и методе које ће се користити у истраживању

Изолати PVY

- У циљу анализе генетичке структуре популације PVY у Србији за истраживања одабраће се изолати PVY, пореклом из четири најзначајнија домаћина вируса у нашој земљи: кромпир, парадајз, дуван и паприка у којима је присуство вируса предходно доказано применом DAS-ELISA теста. Одабир изолата обавиће се тако да се обухвате узорци сакупљени са што већег броја локалитета на територији Србије и у различитом временском периоду од 2011. до 2017. године

RT-PCR метода

- Метода реверзне транскрипције праћене ланчаном реакцијом полимеразе (RT–PCR) биће коришћена у циљу умножавања појединачних гена одабраних изолата PVY, као и у циљу прелиминарне идентификације постојања рекомбинантних изолата применом multiplex RT-PCR методе уз коришћење сета прајмера који омогућавају разликовање различитих сојева PVY.
 - i. Изолација укупних рибонуклеинских киселина, биљних и вирусних, (total RNAs) обавиће се из биљног материјала коришћењем цетилтриметиламонијум бромид (СТАВ) протокола (**Bekesiova et al., 1999**).
 - ii. Multiplex RT-PCR метода обавиће се коришћењем сета од дванаест прајмера: n156, o514, n787, n2258, o2172, n2650c, o2700, S5585m, o6400, n7577, YO3-8648 и SeroN, који омогућавају умножавање и разликовање најважнијих рекомбинантних и нерекомбинантних сојева (**Chikh Ali et al., 2010b**).
 - iii. Умножавање појединачних гена одабраних изолата PVY обавиће се применом „One–step“ RT–PCR Kit-a (Qiagen, Hilden, Germany) коришћењем специфичних парова прајмера (**Glais et al., 2002**).
 - iv. Визуелизација умножених продуката PCR реакције обавиће се електрофоретским раздвајањем у 1% агарозном гелу у 1x TBE пуферу, бојењем етидијумбромидом и посматрањем под UV-трансилуминатором.

Пречишћавање PCR продуката и секвенцирање

- Након обављене амплификације, PCR продукти свих појединачних гена одабраних изолата биће послати на услужно пречишћавање и секвенцирање у Macrogen, Inc., Јужна Кореја.

Молекуларна идентификација

- Даља карактеризација и прорачун генетичке сличности обавиће се након обраде добијених секвенци у програму FinchTV Version 1.4.0. и њиховог међусобног поређења у CLUSTAL W програму, интегрисаном унутар софтверског пакета MEGA 6.0 (Thompson et al., 1994; Tamura et al., 2013) и добијања консензус секвенци одабраних изолата. Добијене консензус секвенце најпре ће се анализирати употребом BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) анализе, а затим ће се извршити прорачун нуклеотидне и аминокиселинске сличности одабраних изолата са изолатима из других делова света доступних у GenBank бази података (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>). За прорачун генетичке сличности секвенци гена одабраних изолата са изолатима из других делова света, користиће се програм MEGA верзија 6.0.

Филогенетске анализе

- Проучавање еволутивне повезаности, вишеструко упаривање секвенци и реконструкција филогенетских стабла обавиће се коришћењем Neighbor-Joining или Maximum parsimony методе, интегрисане унутар програма MEGA верзија 6.0 и „bootstrap“ анализе са 1000 понављања. Претходно ће се пронаћи најбоље прилагођен модел нуклеотидне супституције методом максималне веродостојности на основу најниже вредности BIC (*Bayesian Information Criterion*) за испитивани сет секвенци. Груписање одабраних изолата у реконструисаним филогенетским стаблима указаће на састав и структуру сојева PVY присутних у Србији, али и на постојање или не рекомбинантних изолата.

Анализа рекомбинација

- Потврда постојања рекомбинантних изолата обавиће се коришћењем RDP(v4) (Recombination Detection Program) софтвера (Martin et al., 2015) који поред основног RDP програма, користи истовремено још шест различитих програма који детектују постојање рекомбинације: BOOTSCAN/RECSCAN, GENECONV, MAXCHI (Maximum Chi Square), CHIMAERA, SISCAN (Sister Scanning), 3SEQ i LARD (Likelihood Assisted Recombination Detection). Уколико се докаже постојање рекомбинантних изолата применом овог програма одредиће се број појединачних места рекомбинације, као и родитељске секвенце рекомбинантних изолата.

„Codon-based“ Z-тест селекције

- У циљу утврђивања типа селекције (позитивна, негативна или неутрална селекција) под којом се налазе секвенце комплетног генома одабраних изолата и која утиче на обликовање и састав популације PVY у Србији примениће се „codon-based“ Z-тест селекције имплементиран у MEGA 6.0. Најпре ће се одредити број синонимних супституција по синонимном месту (dS) и број несинонимних супституција по несинонимном месту (dN), као и њихове варијансе $Var(dS)$ и $Var(dN)$, а затим ће се израчунати вредност Z по формули $Z=(dN-dS)/SQRT(Var(dS)+Var(dN))$. Вредност

$Z > 1$ (odnos $dN/dS > 1$) указује на позитивну селекцију, $Z < 1$ (odnos $dN/dS < 1$) указује на негативну („purifying“) селекцију, а уколико је $Z = 1$ (odnos $dN/dS = 1$) ради се о неутралној селекцији. Ове анализе ће се обавити коришћењем Nei-Gojobori супституционог модела и „bootstrap“ анализе са 1000 понављања (Nei i Kumar, 2000) имплементираног у MEGA 6.0.

Сва испитивања, осим секвенцирања, обавиће се у Лабораторији за вирусологију и микологију, Катедре за фитопатологију, Пољопривредног факултета, Универзитета у Београду.

6. Списак литературе цитиране у тексту пријаве

Списак литературе цитиране у тексту дат је у прилогу 1.

7. Списак објављених и саопштених научних радова

Списак саопштених и објављених радова дат је у прилогу 2.

8. Биографија кандидата

Никола, Милинко, Радовић рођен је 9.4.1991. године у Београду, Србија. Пољопривредни факултет у Београду, студијски програм Биљна производња, модул Фитомедицина завршио је 2014. године са просечном оценом 8,66 (осам и 66/100). Завршни рад под називом „Карактеризација вируса жуте патуљавости црног лука (*Onion yellow dwarf virus*) патогена белог лука у Србији“ одбранио је са оценом 10 (десет). Мастер академске студије, на Пољопривредном факултету у Београду, студијски програм Фитомедицина, уписао је 2014. године, а завршио 29.9.2015. године са просечном оценом 9,63 (девет и 63/100). Мастер рад под насловом „Карактеризација вируса жутице пострне репе (*Turnip yellows virus*) патогена уљане репице у Србији“ одбранио је са оценом 10 (десет). Докторске студије уписао је на Пољопривредном факултету у Београду, студијски програм Пољопривредне науке, модул Фитомедицина школске 2015/16. године. У звање истраживач – приправник изабран је 30.6.2016. године на Универзитету у Београду-Пољопривредном факултету.

Досада је објавио и саопштио пет научних радова, од чега је један у међународном часопису, а четири су саопштена на међународним и националним скуповима. Члан је Друштва за заштиту биља Србије.

Никола Радовић говори, чита и пише енглески језик, а служи се и француским.

9. Закључак и предлог

На основу анализе поднете пријаве, предложеног програма и научног циља докторске дисертације кандидата Николе Радовића, мастер инжењера пољопривреде, под насловом: «Генетичка структура популације Y вируса кромпира (*Potato virus Y*) пореклом са различитих биљних врста у Србији», Комисија сматра да је изабрана тема од значаја за науку и праксу.

Мада PVY проузрокује значајне економске штете у производњи различитих ратарских и повртарских биљних врста постоји мало података о саставу и структури популације овог вируса у нашој земљи, тако да ће истраживања обухваћена овом докторском дисертацијом представљати комплетну студију о овом вирусу у нашој земљи. Истраживањима у оквиру ове докторске дисертације обавиће се детаљна молекуларна карактеризација изолата PVY пореклом са различитих домаћина применом multiplex RT-PCR методе уз коришћење сета прајмера који омогућавају умножавање и разликовање најзначајнијих рекомбинантних и нерекомбинантних сојева, прорачуном генетичког диверзитета и филогенетских анализа секвенци целог генома испитиваних изолата, као и анализом рекомбинација и утврђивањем одређених параметара еволуције што ће допринети бољем разумевању епидемиолошких чинилаца као што су порекло, број интродукција и начин ширења појединих сојева, као и еволутивних механизма који омогућавају појаву нових или повећање значаја већ постојећих сојева. Захваљујући предвиђеним истраживањима добиће се први подаци о генетичкој структури природне популације PVY и први подаци о факторима који обликују популацију овог вируса у нашој земљи.

Поред великог фундаменталног, ова докторска дисертација имаће и практични значај јер ће утврдити начине и путеве интродукције и ширења овог вируса и омогућити даља молекуларна епидемиолошка истраживања и примену ефикаснијих и дуготрајнијих стратегија контроле обољења која овај вирус изазива у нашој земљи.

На основу свега изнетог, Комисија позитивно оцењује поднету пријаву и предлаже Наставно-научном већу Пољопривредног факултета Универзитета у Београду да прихвати поднету пријаву и Николи Радовићу, мастер инжењеру пољопривреде одобри израду докторске дисертације под насловом: «Генетичка структура популације Y вируса кромпира (*Potato virus Y*) пореклом са различитих биљних врста у Србији».

Комисија за ментора ове докторске дисертације предлаже др Ивану Станковић, ванредног професора.

Београд, 04.01.2018. год.

Чланови Комисије:

др Ивана Станковић, ванредни професор
(ужа научна област Фитопатологија)
Универзитет у Београду-Пољопривредни факултет

др Бранка Крстић, редовни професор
(ужа научна област Фитопатологија)
Универзитет у Београду-Пољопривредни факултет

др Данијела Ристић, научни сарадник
(ужа научна област Фитопатологија)
Институт за заштиту биља и животну средину, Београд

Прилог 1. Списак литературе цитиране у тексту пријаве

- Bekesiova, I., Nap, J.P., Mlynarova, L. (1999): Isolation of high quality DNA and RNA from leaves of the carnivorous plant *Drosera rotundifolia*. *Plant Molecular Biology* 17: 269-277.
- Chikh Ali, M., Maoka, T., Natsuaki, T., Natsuaki, K.T. (2010a): PVYNTN-NW, a novel recombinant strain of Potato virus Y predominating in potato fields in Syria. *Plant Pathology* 59: 31-41.
- Chikh Ali, M., Maoka, T., Natsuaki, K.T., Natsuaki, T. (2010b): The simultaneous differentiation of *Potato virus Y* strains including the newly described strain PVYNTN-NW by multiplex PCR assay. *Journal of Virological Methods* 165:15-20.
- Chung, B.Y.W., Miller, W.A., Atkins, J.F., Firth, A.E. (2008): An overlapping essential gene in the Potyviridae. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 105: 5897–5902.
- Ђекић, И. (2010): Присуство, распрострањеност и карактеризација вируса дувана у Србији. Докторска дисертација. Универзитет у Београду-Пољопривредни факултет, Београд.
- Glais, L., Tribodet, M., Kerlan, C. (2002): Genomic variability in *Potato potyvirus Y* (PVY): evidence that PVY^{NW} and PVY^{NTN} variants are single to multiple recombinants between PVY^O and PVY^N isolates. *Archives of Virology* 147: 363-378.
- Lacomme, C., Glais, L., Bellsdetd, U.D., Dupuis, B., Karasev, V.A., Jacquot, E. (2017): Potato virus Y: biodiversity, pathogenicity, epidemiology and management. Springer International Publishing AG, Cham, Switzerland.
- Kerlan, C., Nikolaeva, O.V., Hu, X., Meacham, T., Gray, S.M., Karasev, A.V. (2011): Identification of the molecular make-up of the Potato virus Y strain PVY^Z: genetic typing of PVY^Z-NTN. *Phytopathology* 101: 1052-1060.
- Кус, М. (1968): Улога сорте у борби против вирусне дегенерације кромпира. *Савремена пољопривреда* 5: 435-440.
- Martin, D.P., Murrell, B., Golden, M., Khoosal, A., Muhire, B. (2015): RDP4: detection and analysis of recombination patterns in virus genomes. *Virus Evolution* 1: vev003.
- Милошевић, Д. (1989): Распрострањеност неких вируса кромпира на подручју Западне Србије. *Заштита биља* 189: 367-374.
- Милошевић, Д. (2013): Диверзитет и карактеризација вируса паприке у Србији. Докторска дисертација. Универзитет у Београду-Пољопривредни факултет, Београд.
- Nei, M., Kumar, S. (2000): *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press, New York, New York.
- Ristić, D., Vučurović, I., Kuzmanović, S., Milošević, D., Gašić, K., Dolovac, N., Starović, M. (2016): Molecular characterization of *Potato virus Y* inducing Potato tuber necrotic ringspot disease in Serbia. *Genetika-Beograd* 48: 473-496.
- Robaglia, C., Durand Tardif, M., Tronchet, M., Boudazin, G., Astier Manificier, S., Casse Delbart, F. (1989): Nucleotide sequence of potato virus Y (N strain) genomic RNA. *Journal of General Virology* 70: 935-947.
- Smith, K.M. (1931): Composite nature of certain potato viruses of the mosaic group. *Nature* 127: 702.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A., Kumar, S. (2013): MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Molecular Biology and Evolution*, p.mst197.

Thompson, J.D., Higgins, D.G., Gibson, T.J. (1994): CLUSTAL W: Improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research* 22: 4673-4680.

Прилог 2. Списак саопштених и објављених научних радова

Рад у врхунском међународном часопису-*New Items* (M21/4=2)

1. Milojević, K., **Radović, N.**, Stanković, I., Vučurović, A., Nikolić, D., Bulajić, A., Krstić, B. (2016): First report of *Cucumber mosaic virus* infecting *Wisteria sinensis* in Serbia. *Plant Disease* 100: 1799. (M21/2; ISSN 0191-2917, KoBSON, Plant Sciences, 40/209, 2015, IF=3,268)

Саопштење са међународног скупа штампано у изводу (M34 = 0,5)

2. Vučurović, I., Vučurović, A., Ristić, D., **Radović, N.**, Krstić, B., Bulajić, A., Stanković, I. (2016): Multiplex RT-PCR in detection of three viruses infecting garlic in Serbia. Program and Abstracts of Conference „State-of-the-Art Technologies: Challenges for the Research in Agricultural and Food Sciences“, Belgrade, Serbia, pp. 130.

Саопштење са скупа националног значаја штампано у изводу (M64 = 0,2)

3. Зечевић, К., Вучуровић, А., Станковић, И., Николић, Д., **Радовић, Н.**, Булајић, А., Крстић, Б. (2016): Структура популације вируса мозаика краставца (*Cucumber mosaic virus*) у Србији. Зборник резимеа XIII Симпозијума о заштити биља у Босни и Херцеговини, Теслић, Босна и Херцеговина, стр. 7-8.
4. Зечевић, К., Вучуровић, А., Станковић, И., **Радовић, Н.**, Теодоровић, С., Булајић, А., Крстић, Б. (2016): Молекуларна карактеризација изолата вируса мозаика краставца пореклом из *Wisteria sinensis* из Србије. Зборник резимеа XV Симпозијума о заштити биља, Златибор, Србија, стр. 77.
5. Вучуровић, И., Вучуровић, А., Станковић, И., Ристић, Д., **Радовић, Н.**, Теодоровић, С., Крстић, Б. (2016): *Leek yellow stripe virus* – патоген пражилука у Србији. Зборник резимеа XV Симпозијума о заштити биља, Златибор, Србија, стр. 94.