

ИЗБОРНОМ ВЕЋУ МАТЕМАТИЧКОГ ФАКУЛТЕТА УНИВЕРЗИТЕТА У БЕОГРАДУ

Одлуком Изборног већа Математичког факултета од 23. фебруара 2018. године одређени смо у Комисију за писање реферата о кандидатима који учествују на конкурс за избор једног редовног професора за научну област Рачунарство и информатика.

На конкурс објављен у листу Послови од 07. марта 2018. пријавио се један кандидат, др Ненад Митић. О пријављеном кандидату:

1) др Ненаду Митићу
подносимо следећи

ИЗВЕШТАЈ

I БИОГРАФСКИ ПОДАЦИ

Година и место рођења: 1959. Милошевац, Србија

Држављанство: Република Србија

Звање: ванредни професор

Година последњег избора у звање: 2016.

Подаци о школовању:

1996. Математички факултет, одбрањена докторска дисертација “Функцијски интерфејс ка релационим базама података и примене”

1983-1989. постипломске студије: Природно-математички факултет, Београд, одсек за математику, смер Теорија и примена рачунарских система

1989. Математички факултет, одбрањен магистарски рад “Имплементација ФП језика у Lispkit Lisp језику”

1978-1982. основне (додипломске) студије: Природно-математички факултет, Београд, Одсек за математику, смер математика и рачунарство

1974-1978. Гимназија, Мајданпек, Србија

1966-1974. Основна школа, Мајданпек, Србија

Специјализације и студијски боравци у земљи и иностранству:

ACM summer school of Software Engineering, June 1998, Prague, Czech Republic

Кретање у служби:

2011 - ванредни професор, Математички факултет, Београд

1997-2011. доцент, Математички факултет, Београд

1992-1997. асистент, Математички факултет, Београд

1991-1992. асистент приправник, Математички факултет, Београд

1983-1991. систем аналитичар и систем администратор, Републички завод за статистику Србије, Београд

Знање страних језика: енглески

II НАСТАВНА ДЕЛАТНОСТ

Предмети из којих је кандидат изводио наставу на основним, мастер, магистарским и докторским студијама:

На основним и мастер студијама:

(а) Основи програмирања (Математички факултет, Београд, вежбе)

(б) Базе података (Математички факултет, Београд, вежбе)

(в) Основи рачунарских система (Математички факултет, Београд, предавања)

(г) Функционални програмски језици и Веб апликације (Математички факултет, Београд,

предавања)

- (д) Увод у организацију рачунара (Математички факултет, Београд, предавања)
- (ђ) Увод у организацију и архитектуру рачунара 1 (Математички факултет, Београд, предавања)
- (е) Релационе базе података (Математички факултет, Београд, предавања)
- (ж) Базе података 2 (Математички факултет, Београд, предавања)
- (з) Функционално програмирање (Математички факултет, Београд, предавања)
- (и) Трансакциона обрада (Математички факултет, Београд, предавања)
- (ј) Истраживање података (Математички факултет, Београд, предавања)
- (к) Истраживање података 1 (Математички факултет, Београд, предавања)
- (л) Базе података (Економски факултет, Београд, предавања)
- (љ) Увод у организацију рачунара (Рачунарски факултет, Београд, предавања)
- (м) Основи рачунарских система 1 (Природно-математички факултет, Бања Лука, предавања)
- (н) Основи рачунарских система 2 (Природно-математички факултет, Бања Лука, предавања)
- (њ) Програмски језици (Природно-математички факултет, Бања Лука, предавања)
- (о) Основи рачунарских система 3 (Природно-математички факултет, Бања Лука, предавања)
- (п) Основи рачунарских система 4 (Природно-математички факултет, Бања Лука, предавања)

Предавања на докторским и магистарским студијама:

- (а) Технологија програмирања
- (б) Теоријско рачунарство
- (в) Одабрана поглавља база података
- (г) Системи база података нове генерације
- (д) Објектно-релационе базе података
- (ђ) Истраживање података - напредни концепти
- (е) Истраживање података у биоинформатици - напредни концепти
- (ж) Софтверско инжењерство
- (з) Увод у функционално програмирање
- (и) Програмски језици
- (ј) Апстрактне машине и имплементација функционалних програмских језика

Руковођење израдом дипломских, мастер, специјалистичких, магистарских радова и докторских дисертација:

1. Руководилац пет докторских дисертација (Саша Малков, Улфета Маровац, Даворка Јандрлић - одбрањене, Самира Алмуктар, Иван Чукић - у фази израде)
2. Руководилац шест магистарских радова (Саша Малков, Горана Дацић, Наташа Пуцановић, Даворка Јандрлић, Слободанка Марјановић, Милена Шошић).
3. Руководилац једног специјалистичког рада (Жељко Лежаја)
4. Руководио израдом више од 30 дипломских и мастер радова.

Учешће у комисијама за оцену и одбрану дипломских, магистарских и докторских дисертација

Више дипломских, мастер, магистарских радова и докторских дисертација.

Ангажованост на обезбеђивању литературе за наставу коју изводи

1. Аутор уџбеника Основи рачунарских система (два издања: I издање – Београд, Математички факултет, 2002; II издање – Београд, ЦЕТ, 2003.)
2. (са С. Малков и В. Никићем) Основи програмирања (збирка задатака), Београд, Математички факултет, 2000.
3. Аутор уџбеника Увод у организацију рачунара, Београд (два издања: Математички факултет, 2009. и Математички факултет, 2013.)
4. Коаутор електронског уџбеника из Аналитичке геометрије (<http://codd.matf.bg.ac.yu/angeom>)

Ангажованост у обављању редовних консултација за студенте

У просеку четири сата седмично

III НАУЧНИ И СТРУЧНИ РАД

Област научног рада: рачунарство и информатика (функционално програмирање, базе података, биоинформатика)

Учешће у научним пројектима:

Од 1991. до данас истраживач на пројектима основних истраживања Министарства науке Републике Србије.

Од 2005. учесник на пројектима технолошког развоја Министарства науке Републике Србије.

Од 2011. учествује на пројекту Интегралних и интердисциплинарних истраживања на пројектима ОИ174021 и П44006.

Учесник међународног пројекта финансираног од стране DAAD-а: Геометрија и визуелизација (од 2002. до 2008. г.)

Учешће у организацији научног и стручног рада

Руководилац семинара из Функционалног програмирања и семинара из Биоинформатике на Математичком факултету у Београду.

Члан организационог и програмског одбора међународних конференција

1. *Belgrade Bioinformatics Conference 2018 (BelBi2018)*
2. *Belgrade Bioinformatics Conference 2016 (BelBi2016)*
3. *Data Mining in Bioinformatics 2012, Belgrade, 26-28.06.2012.*
4. *4th SEEDI International Conference Digitization of cultural and scientific heritage, Belgrade, 12-15 June, 2008*
5. две међународне конференције из геометрије и визуелизације одржаних у оквиру DAAD пројекта (чији је био учесник)
6. више националних конференција одржаних на Математичком факултету у Београду

Учесник више радионица одржаних на Математичком факултету у Београду

Учешће у редакцијама научних и стручних часописа

Рецензент и члан редакције часописа „Computer Science and Information Systems”

Главни уредник часописа "Review of the National Center for Digitization"

A. Предавања по позиву

Functional programming and relational databases, *II International Conference of Applied Mathematics*, Plovdiv, Bugarska, 2005.

B. Магистарски рад и докторска дисертација

1. Магистарски рад:

Имплементација ФП језика у Lispkit Lisp језику, Природно-математички факултет, Београд, 1989.

2. Докторска дисертација:

Функцијски интерфејс ка релационим базама података и примене, Математички факултет, Београд, 1996.

B. Објављени радови

1.1 Научни радови у часописима

а) до избора у звање ванредног професора

1. (са В. Стојковићем) An Extension of Lispkit Lisp-language with Functions EXPLODE and IMplode, *Informatica*, 10(2), Јубљана 1985, pp. 19-26
2. (са М. Тасић, Д. Ћосић и Н. Вујновић) A Connection of IBM Mainframe Computers – Solution with Three Computers in Network, *Пракса*, XXX (5), Београд, 1987, pp. 31-33
3. A Solution to The Parts Explosion Problem in (Lispkit) Lisp/SQL Language, *Математички весник*, Београд, 46(1994), pp. 105-112

4. (са Г. Павловић-Лажетић и М. Бељанским) Bioinformatics analysis of SARS coronavirus genome polymorphism, BMC Bioinformatics 2004, 5:65, pp. 65-78, ISSN 1471-2105 **SCI - M21a**
5. (са Г.Павловић-Лажетић, А Томовић и М. Бељанским) SARS-CoV Genome Polymorphism: A Bioinformatics Study, Genomics, Proteinomics and Bioinformatics, Vol. 3 No. 1, 2005, pp. 18-35, ISSN 1672-0229
6. (са С.Малков, Ж.Мијајловић) Nikola Tesla museum clipping library, Review of NCD, Issue 12, 75-81, 2008.
7. (са Г.Павловић-Лажетић и М.Бељанским) Could N-gram analysis contribute to genomic island determination? Journal of Biomedical Informatics, Vol. 41, Issue 6, (December 2008), pp: 936-943, ISSN:1532-0464 **SCI - M21**
8. (са Г.Павловић-Лажетић и М.Бељанским) N-gram characterization of genomic islands in bacterial genomes, Computer Methods and Programs in Biomedicine, Vol. 93 , Issue 3, (March 2009), pp: 241-256, ISSN:0169-2607 **SCI - M22**
9. (са С. Животић, С.Малков и Ж.Мијајловић) A Cultural Heritage Registry Prototype, Review of NCD, Issue 17, pp. 1-8, 2010.
10. (са Г.Павловић-Лажетић, Ј.Ковачевић, З.Обрадовић, С.Малков и М.Бељанским) Bioinformatics analysis of disordered proteins in prokaryotes, BMC Bioinformatics 2011, 12:66, **SCI - M21**

б) после избора у звање ванредног професора

11. (са М.Кнежевић, В.Милутиновић, З.Огњановић) Agent Based Data Mining in Wireless Sensor Networks: A Survey, E-SOCIETY Research and applications, pp. 91 - 95, 2217-3269, 2012.
12. (са Ж.Мијајловић, С.Малков Digital Legacies, Review of NCD, Issue 22, pp. 148-152
13. (са А.Картељ, В.Филиповић, Д.Тошић) Electromagnetism-like algorithm for support vector machine parameter tuning SOFT COMPUTING, (2014), vol. 18 No. 10, pp. 1985-1998, **SCI - M22**
14. (са М.Павловић, Д.Јандрлић) Epitope distribution in ordered and disordered protein regions Part A. T-cell epitope frequency, affinity and hydropathy Journal of immunological methods, vol. 406 pp. 83-103, 2014, **SCI - M22**
15. (са Н.Вукша Поповић, Ж.Мијајловић, С.Малков) Digital Archive Repository for Digital Legacies, Review of NCD, Issue 24, pp. 24-28, 2014.
16. (са М.Павловић, Д.Јандрлић) Epitope distribution in ordered and disordered protein regions. Part B - Ordered regions and disordered binding sites are targets of T- and B-cell immunity Journal of immunological methods, vol. 406 pp. 90-107, 2014, **SCI - M22**
17. (са У.Маровац) n-Gram Analysis of COG Categorized Protein Sequences, MATCH-Communications in Mathematical and in Computer Chemistry, vol. 74 No. 3, pp. 575-590, **SCI - M21a**
18. (са Н.Пејовић, С.Малков, Ж.Мијајловић) Scientific Papers of Milutin Milankovic in His Digital Legacy, Review of the National Center for Digitization, Issue 26, pp. 69-76, 2015
19. (са Д.Јандрлић, Г.Лазић, М.Павловић) Software tools for simultaneous data visualization and T cell epitopes and disorder prediction in proteins Journal of Biomedical Informatics, Vol. 60, pp. 120-131, 2016 **SCI - M21**
20. (са Н.Пејовић, С.Малков, Ж.Мијајловић) Serbian and International Honors Awarded to Milutin Milanković, Review of the National Center for Digitization, Математички факултет Универзитета у Београду, 28, pp. 79 - 86, 1820-0109, 2016.
21. (са А.Јеловић, S. Eshafah, М.Бељанским) Finding Statistically Significant Repeats in Nucleic Acids and Proteins, Journal of Computational Biology, Mary Ann Liebert, Inc. Publishers, 140 Huguenot St 3rd Fl; New Rochelle; NY 10801-5215, 1557-8666, **SCI - M21**
<https://doi.org/10.1089/cmb.2017.0046>, 2017.

1.2 Саопштења на међународним научним скуповима објављена у целини у зборницима радова (катеорија M33)

а) пре избора у звање ванредног професора

1. (са С.Малков, Г.Лазих и А.Гачевић) SK Implementation of Some Data Types, LIRA'97, Novi Sad, proc. of the VIII International Conference on Logic and Computer Science, N. Sad 1997. pp. 139-146.
2. (са Г.Павловић-Лажетић и М.Бељанским) Computational Analysis of E.Coli Genome Composition, 6th International Conference on Fundamental and Applied Aspects of Physical Chemistry, Belgrade, 2002.
3. (са М.Живковић, С.Малков, Н.Блажић, С.Зарић и М.Бељанским) Protein Secondary Structure and Amino Acid Bigrams Frequencies, 6th International Conference on Fundamental and Applied Aspects of Physical Chemistry, Belgrade, 2002.
4. (са Г.Павловић-Лажетић и М.Бељанским) Palindrome sequences in viral genomes, 7th International Conference on Fundamental and Applied Aspects of Physical Chemistry, Belgrade, 2004.
5. (са С.Ранисављевић, Н.Тошић, Г.Павловић-Лажетић, М.Павловић и С.Ж.Горјановић) Bioinformatics Analysis of Sars CoV Protein, 9th International Conference on Fundamental and Applied Aspects of Physical Chemistry, Belgrade, 2008.
6. (са Д.Дракулић) Визуелизација у настави диференцијалне геометрије, Научни скуп Наука и настава на универзитету, Пале 2009. Књига 3, том 2. pp. 605-6117.
7. (са Н.Петровић, Г.Павловић-Лажетић, М.Павловић и М.Бељанским) Analysis of Amino Acid Distances in Proteins, 10th International Conference on Fundamental and Applied Aspects of Physical Chemistry, Belgrade, 2010.

б) после избора у звање ванредног професора

8. (са М.Павловић, Д.Јандрлић и Ј.Симић-Крстић) Epitope location in ordered and disordered structural regions of tumor-associated antigen EBNA 1 Regional Biophysics Conference 2012, September 3-7, 2012. Kladovo-Belgrade, Serbia, Proceedings: pp. 8-11
9. 9. (са М.Павловић, Д.Јандрлић и С.Малков) T-cell epitope clustering in different structural regions of cancer/testis antigen proteins Regional Biophysics Conference 2012, September 3-7, 2012. Kladovo-Belgrade, Serbia, Proceedings: pp. 11-14
10. 10. (са М.Павловић, Д.Јандрлић, и М. Бељанским) T-cell epitope frequency in ordered and disordered protein regions of tumor associated antigens Physical Chemistry 2012, 11th International Conference on Fundamental and Applied Aspects of Physical Chemistry, Belgrade, September 24-28, 2012 Proceedings: pp. 385-387
11. 11. (са С. Малков, Г. Павловић-Лажетић, М. Бељански, М. Павловић, Ј. Ковачевић) Bioinformatics Research Group at the Faculty of Mathematics, University of Belgrade, Zbornik DMBI2012, ISBN: 978-86-7589-085-0, pp. 21-28
12. (са М.Павловић, Д.Јандрлић) T-cell epitope frequency in ordered and disordered protein regions, DMBI 2012, Beograd, 26-28.06.2012.g. Zbornik DMBI2012, ISBN: 978-86-7589-085-0, pp. 11-14
13. (са Ч.Раденовић, Г. Максимов, Н. Делић, Г. Станковић, М. Сећански, М. Павловић) Infrared spectroscopy analysis of the maize grain chemical content*, PHYSICAL CHEMISTRY 2014, 12th International Conference on Fundamental and Applied Aspects of Physical Chemistry, 2014, 22.09.2014. - 26.09.2014. Proceedings: pp. 530 - 533. ISBN 978-86-82475-30-9
14. (са Г. Павловић-Лажетић, В. Пајић, М. Бељански, Ј. Ковачевић) Mining Associations for Organism Characteristics in Prokaryotes - an Integrative Approach IWBBIO 2014. 2nd International Work-Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering Granada, Spain, 2014, Copicentro Granada, ISBN: 978-84-15814-84-9, 07.04.2014. - 09.04.2014. pp. 436-450.
15. (са М.Павловић, Д.Јандрлић, С. Малков) Correlation of T-cell Epitope Location and Order/Disorder Protein Structure Proceedings of the 2nd International Conference-Theoretical Approaches to BioInformation Systems, ISBN: 978-86-82441-40-3, Belgrade, 2014. pp. 124.-146
16. (са Г. Павловић-Лажетић, В. Пајић, М. Бељански, Ј. Ковачевић) An Integrative Approach to Relating Genotype, Phenotype and Taxonomic Characteristics in Prokaryotes – An Overview, Proceedings of the 2nd International Conference-Theoretical Approaches to BioInformation Systems, ISBN: 978-86-82441-40-3, Belgrade, 2014. pp. 167-188.

17. (са Н. Пејовић, С. Малков, Ж. Мијајловић) Milutin Milanković digital legacy, Proceedings of the IX Bulgarian-Serbian Astronomical Conference: Astroinformatics 02/07/14-04/07/14, Bulgaria, ISBN 978-86-89035-06-3 Astron. Soc. Rudjer Bošković, 2015, vol.15, pp.179-187
18. (са М. Бељански, С. Малков, Г. Павловић-Лажетић, М. Павловић) Archaean unstructured protein regions dependence on geneome and proteome characteristics, Physical Chemistry 2016, 13th International Conference on Fundamental and Applied Aspects of Physical Chemistry, Society of Physical Chemists of Serbia, pp. 463 - 466, 978-86-82475-34-7, Србија, 26.-30. Sep, 2016
19. (са А. Узелац, Т. Штајнер, М. Бусарчевић, А. Munjiza, М. Костић, Ч. Миљевић, Д. Лечић Тошевић, С. Малков, О. Ђурковић-Ђаковић) Gene expression in schizophrenia patients and non-schizophrenic individuals infected with *Toxoplasma gondii*, Proceedings of the Belgrade BioInformatics Conference 2016, Matematički fakultet Beograd, pp. 142 - 150, 978-86-7589-124-6, 2017.
20. (са А. Јеловић, М. Бељански) Filtering of repeat sequences in genomes, Proceedings of the Belgrade BioInformatics Conference 2016, Faculty of Mathematics, University of Belgrade, pp. 73 - 81, 978-86-7589-124-6, Beograd, 2017.
21. (са Д.Јандрлић, М.Павловић) T-cell epitope prediction, the influence of amino acids physicochemical properties and frequencies on identifying MHC binding ligands, Proceedings Belgrade BioInformatics Conference 2016, Faculty of Mathematics, University of Belgrade, pp. 55 - 63, 978-86-7589-124-6, Beograd, 2017.

1.3 Саопштења на међународним научним скуповима објављена у изводу (апстракт) у зборницима радова (категорија М34)

а) пре избора у звање ванредног професора

1. (са Снежаном Зарић и С. Р. Никетићем) Comparative analysis of the molecular structures of tris(ethanedioato)metilate(III) with the aid of the Cambridge Structural Database, Yugoslav-Italian Crystallographic conference, held together with 24. Conference Yugoslav crystallographic center, Pula, 28.-31. May 1989. pp. 88-89
2. Experience in the project of creating multi-media textbook in analytical geometry, Workshop on Software Engineering Education and Reverse Engineering, Plovdiv, Bulgaria, September 2002.
3. (са С. Малков) An implementation of Photograph Archive Database, The 3rd International Conference New Technologies and Standards: Digitization of National Heritage 2004 June, 3-5, 2004, Belgrade, Serbia and Montenegro
4. (са Г. Павловић-Лажетић, М. Бељански, А. Томовић) A Mutational Analysis of SARS CoV genome, Moscow Conference on Computational Molecular Biology - MCCMB 2005, book of abstracts, pp.289-290.
5. (са Г. Павловић-Лажетић, А. Томовић, М. Павловић, А. Манола, И. Божић и М. Бељански) SARS CoV Spike Protein Polymorphism: Bioinformatics Study, 1st South East European Congress of Chemical Engineering, Belgrade, 2006. book of abstracts, pp.204.
6. (са С. Малков, Ж. Мијајловић) Nikola Tesla museum clipping library, The third SEEDI International Conference: Digitization of cultural and scientific heritage, September 13-15, 2007, Cetinje, book of abstracts, pp. 11.
7. (са С. Малков) Database Management System Selection for Storing and Retrieving Digitized Material, The Fourth SEEDI International Conference Digitization of cultural and scientific heritage, Belgrade, 12-15 June, 2008, Book of abstracts, p. 42
8. (са Г. Павловић-Лажетић и М. Бељанским) n-Gram prediction of genomic islands, TABIS 2010, Theoretical Approaches to Bio-Information Systems Institute of Physics, Belgrade 20-21. 05. 2010.

б) после избора у звање ванредног професора

9. (са М. Павловић, Д. Јандрлић, Ј. Ковачевић, С. Малков и М. Бељанским) N-gram analysis of prokaryotic genomes: characteristics and predictions of genomic islands Regional Biophysics Conference 2012, Kladovo-Belgrade, Serbia, Book of abstracts, pp. 122
10. (са Ж. Мијајловић, С. Малков) Digital Legacies, Conference SEEDI 2012, May 17 - 18, 2012, Ljubljana, Slovenia SEEDI 2012, May 17-18, Ljubljana.
11. (са М. Павловић, Д. Јандрлић и Ј. Симић-Крстић) Epitope location in ordered and disordered structural regions of tumor-associated antigen EBNA 1 Regional Biophysics Conference 2012, September 3-7, 2012. Kladovo-Belgrade, Serbia, Book of Abstracts, Section S1: Molecular biophysics, pp. 61 (2012), (P8.S1), ISBN 978-86-904161-2-7.
12. (са М. Павловић, Д. Јандрлић и С. Малков) T-cell epitope clustering in different structural regions of cancer/testis antigen proteins Regional Biophysics Conference 2012, September 3-7, 2012. Kladovo-Belgrade, Serbia, Book of Abstracts, Section S1: Molecular biophysics, pp 62 (2012), (P9.S1), ISBN 978-86-904161-2-7.
13. (са М. Кнежевић, З. Огњановић, В. Милутиновић) Agent based data mining in wireless sensor networks: a survey, YU INFO / ICITS 2012, Копаоник, 29.02.-03.03. 2012
14. (са М. Кнежевић, З. Огњановић, В. Милутиновић) Datamining in WSNs Based on Mobile Agents, MIPRO 2012 - 35th International Convention on Information and Communication Technology, Electronics and Microelectronics, Croatian Society for Information and Communication Technology, Electronics and Microelectronics - MIPRO, Hrvatska, 21. -25. May, 2012 <http://www.mipro.hr/MIPRO2012.MVM/ELink.aspx>
15. (са М. Павловић, Д. Јандрлић и С. Малков) Determining correlation of T-cell epitope location and order/disorder protein structure, Theoretical Approaches to Bioinformation Systems, TABIS, Belgrade, 17-22 September, Book of Abstracts, pp 20, (2013), ISBN 978-86-82441-37-3
16. (са Г. Павловић-Лажетић, В. Пајић, Ј. Ковачевић, М. Бељански) Mining associations for organism characteristics in prokaryotes - an integrative approach, Theoretical Approaches to Bioinformation Systems, TABIS, Belgrade, 17-22 September, Book of Abstracts, pp 24, (2013), ISBN 978-86-82441-37-3
17. (са М. Павловић, Д. Јандрлић, М. Бељански) Clustering of epitopes in ordered and disordered protein regions: Lessons from the EBV nuclear antigen EBNA 1, 8th International Conference of the Chemical Societies of the South-East European Countries, ICOSECS 8, Belgrade, June 27-29, Book of Abstracts, Breakthrough Science - Computational chemistry, BS-CC P01, pp 104, (2013), ISBN 978-86-7132-053-5.
18. (са Н. Пејовић, С. Малков, Ж. Мијајловић) Milutin Milanković digital legacy, IX Bulgarian-Serbian Astronomical Conference: Astroinformatics, Institute of Mathematics and Informatics Sophia, Bulgaria, and Astronomical Observatory Belgrade, Serbia, pp. 1 - 10, Bulgaria, 2014.
19. (са Н. Пејовић, С. Малков, Ж. Мијајловић) Scientific papers of Milutin Milanković in his digital legacy, The Ninth SEEDI Conference, Digitization of cultural and scientific heritage, 15.05.2014. - 16.05.2014., Belgrade 2014, ISBN 978-86-80593-50-0, pp. 17
20. (са Г. Павловић-Лажетић, С. Малков, Ј. Ковачевић, М. Бељански) Intrinsically Disordered Proteins /Protein Regions: Implications for Environmental Adaptation of Archaea and Bacteria Proceedings of the 1st NGP-NET Symposium on non-globular proteins 06.10.2015.- 09.10.2015., Portugal. Book of abstracts pp.27-28. Publisher Institute for molecular and cell biology, Porto, Portugal, 2015, <http://www.ibmc.up.pt/ngpnet>
21. (са А. Узелац, Т. Штајнер, М. Бусарчевић, А. Муњиза, М. Костић, Ч. Миљевић, Д. Лечић –Тошевски, С. Малков, О. Ђурковић-Ђаковић) Gene expression in schizophrenia patients and non-schizophrenic individuals infected with *Toxoplasma gondii*, 13th International Congress on Toxoplasmosis and *Toxoplasma gondii* Research, Gettysburg College, Gettysburg, PA, USA, pp. 181 - 181, 17. - 21. Jun, 2015
22. (са А. Јеловић, М. Бељански) Filtering of repeat sequences in genomes, Belgrade BioInformatics Conference 2016, Book of Abstracts, Faculty of Mathematics, Belgrade, pp. 62-62, ISBN: 978-86-7589-108-6, 978-86-7589-108-6, Србија, 2016.
23. (са А. Узелац, Т. Штајнер, М. Бусарчевић, А. Муњиза, М. Костић, Ч. Миљевић, Д. Лечић –Тошевски, С. Малков, О. Ђурковић-Ђаковић) Gene expression in schizophrenia patients and non-schizophrenic individuals infected with *Toxoplasma gondii*, Belgrade BioInformatics

- Conference 2016, Book of Abstracts, Faculty of Mathematics, Belgrade, pp. 149 - 150, ISBN: 978-86-7589-108-6, Србија, 20. - 24. Jun, 2016
24. (са Ј. Ковачевић, Г. Павловић-Лажетић, С. Малков, М. Бељански) Plasmid vs. chromosome encoded proteins structural disorder: case study of prokaryotes, The Second NGP-NET (Non-globular proteins in Molecular Physiopathology) Symposium, Institute of Nuclear Sciences VINCA, Serbia, pp. 54 - 55, -, Србија, 15. - 17. Sep, 2016
 25. (са Д. Јандрлић, М. Павловић) The influence of amino acids physicochemical properties and frequencies on identifying MHC binding ligands, Belgrade BioInformatics Conference 2016, Book of Abstracts, Faculty of Mathematics, Belgrade, pp. 61 - 62, ISBN: 978-86-7589-108-6, Србија, 20. - 24. Jun, 2016
 26. (са А. Узелац, Т. Штајнер, М. Бусарчевић, А. Муњиза, М. Костић, Ч. Миљевић, Д. Лечић –Тошевски, С. Малков, О. Ђурковић-Ђаковић) Gene expression in schizophrenia patients and non-schizophrenic individuals infected with *Toxoplasma gondii*., European Multicolloquium of Parasitology (EMOP) XII, European Federation of Parasitologists, EMOP XII abstract b, pp. P15.18, Finska, 20. - 24. Jul, 2016
 27. (са А. Узелац, Т. Штајнер, М. Бусарчевић, А. Муњиза, М. Костић, Ч. Миљевић, Д. Лечић –Тошевски, С. Малков, О. Ђурковић-Ђаковић) Expression des genes chez les patients atteints de schizophrénie et les personnes non schizophréniques infectés par *Toxoplasma gondii*, Representation des connaissances en zoonoses. Seminaire doctoral.. Abstract book, pp. 8- 8, Belgrad, Serbie, 5. - 7. Apr, 2017

1.4 Саопштења на националним научним скуповима објављена у целини у зборницима радова (категорија М63)

а) пре избора у звање ванредног професора

1. (са Р. Никетићем) An Interactive System of Programs for Crystallographic Computing, XXIII Conference of Yugoslav center for Crystallography, JAZU, Novi Sad, 06.-09. June 1988. pp. 61-62
2. (са Р. Никетићем) The Cambridge Structure Databank: An Interactive Implementation, XXXI conference of chemists SR Serbia, Belgrade, 16-18 Jan 1989.
3. Construction of FP-language Processor, Conference Theory and implementations of Artificial intelligence, Dubrovnik, 25.-27. Oct. 1989. pp. 129-134
4. The Implementation of PROG Mechanism in Pure Functional Programming Language, VI Conference Logic and Computer Science, Novi Sad, 1992, pp. 77-84
5. Integration of SQL/DB2 into Lispkit Lisp Language, ETAN - XXXVII conference, Belgrade, 20-23. Sep 1993. vol. VIII, pp. 103-108
6. The Implementation of the Functional Data Type in SQL/Lispkit Language, ETRAN - XXXVIII Conference, Niš, 1994, vol. 3, pp. 107-108.
7. A Solution of Some Problems in Development of Interactive Systems in Functional Programming Languages, X Conference of applied mathematics, Budva 1995. Zbornik radova - Novi Sad, 1996. pp. 237-245
8. Creating Library of Executable Programs in Functional Programming Languages Based on SECD Machine, XXXIX Conference ETRAN-a, Zlatibor, June 1995, pp. 180-182.
9. Using Relational Database as an Extended Environment in Functional Programming Language, LIRA'95, Novi Sad, proc. of the VII conf on Logic and Computer Science, N. Sad 1997. pp. 121-128
10. (са С. Малков, Г. Лазић и А. Гачевић) Implementation of Optimized SK Reduction Machine, LIRA'95, Novi Sad, proc. of the VII conf on Logic and Computer Science, N. Sad 1997. pp. 91-98
11. The Functional Interface Toward Relational Databases and Extension of the SQL Query Language, XL Conference ETRAN-a, Budva, June 1996. pp. 287-290
12. Функцијски интерфејс ка релационим базама података и примене, Инфофест 96, Фестивал информатичких достигнућа, Будва 1996.

а) после избора у звање ванредног професора

13. (са М. Кнежевић, В. Милутиновић, З. Обрадовић) Balcon project: "The preconference tutorial vector on advanced issues in monitoring and control (M+C), by the University of

- Belgrade", Зборник радова XVIII конференције YU INFO 2012., Информационо Друштво Србије, 978-86-85525-09-4, Србија, 29. Feb - 03. Mar, 2012
14. (са Н. Пејовић, С. Малков, Ж. Мијајловић) Digital Legacies and Archives, Зборник радова: III симпозијум "Математика и примене", 25.-26.05.2012. pp. 1-3, Математички факултет, 2013.
 15. (са Н. Пејовић, С. Малков, Ж. Мијајловић) Рукописи првих универзитетских предавања Милутина Миланковића, Развој астрономије код Срба VIII, Астр. друштво "Руђер Бошковић", вол. 16, pp. 293 - 303, issn: 978-86-80019-78-9, isbn: 978-86-89035-08-7, Србија, 22. - 26. apr, 2016

1.5 Саопштења на националним научним скуповима објављена у изводу (апстракт) у зборницима радова (категорија М64)

1. Constructing a Language Interpreter Based on Denotational Semantic Language, VI Conference Logic and Computer Science, Novi Sad, 1992, pp. 143
2. An Algorithm for Resolving Part Explosion Problem, IX conference of Applied Mathematics, Budva 1994.
3. Statistical Structures of Serbian Language, Conference of Cyrillic and information technology, Belgrade, Sep. 1994.
4. An implementation of the interface towards DB2 in Lazy Programming Language Lispkit Lisp, 9th Yugoslav Congress of Mathematicians, Petrovac, 1995, pp. 162-163.
5. Решење неких проблема развоја интерактивних система у функционалним програмским језицима, X Conference of Applied Mathematics, Budva 1995. pp. 86-87.
6. Solving Problems Based on Recursive Algorithms in Relational Databases, XI Conference of Applied Mathematics, Будва 1996. pp. 60
7. Technology Possibilities and Some Issues in Electronic Course Development, Workshop on Visualization and Verbalization of Mathematics and Interdisciplinary Aspects, December 2001, Niš
8. Analytical geometry electronic textbook development, 11th Yugoslav Congress of Mathematicians, Petrovac, 2004
9. (са С. Малков) Nikola Tesla Museum Clipping Library Prototype, The 4th National Conference New Technologies and Standards: Digitization of National Heritage 2005 2-3 Jun 2005. Beograd
10. (са С. Малков) Functional programming, Types and Databases, 12. Српски математички конгрес, Нови Сад, 28. август - 2. септембар, 2008, књига апстраката, страна 77.
11. (са М. Бељански, Г. Павловић-Лажетић) n-Gram prediction of genomic islands, Theoretical Approaches to Bioinformation Systems, Institute of Physics, Belgrade, Србија, 20. - 21. May, 2010, <http://www.matf.bg.ac.rs/files/TABIS.2010Program.pdf>
12. (са С. Малков) Applicability of non-relational databases in digitized resources management, Нове технологије и стандарди: Дигитализација националне баштине 2011, 22-23.09.2011. зборник апстраката, 978-86-7589-083-6, pp. 21
13. (са С. Малков) Applicability of IBM content manager software in digitized resources management, Нове технологије и стандарди: Дигитализација националне баштине 2011, 22-23.09.2011. зборник апстраката, 978-86-7589-083-6, pp. 26
14. (са Н. Пејовић, С. Малков, Ж. Мијајловић) Digital Legacy "Milutin Milankovic", 11th National Conference New Technologies and Standards: Digitization of National Heritage 2012
15. (са Н. Вукша-Поповић, Ж. Мијајловић, С. Малков) Digital Archive Repository for Digital Legacies, Нове технологије и стандарди: Дигитализација националне баштине 2013 (31.10.2013.-01.11.2013.), зборник апстраката, стр. 25
16. (са Н. Пејовић, Ж. Мијајловић, С. Малков) Milutin Milanković digital legacy, BSACA 2014 -9th Bulgarian-Serbian Astronomical Conference: Astroinformatics, Institute of Mathematics and Informatics Sophia, Bulgaria, and Astronomical Observatory Belgrade, Bugarska, 2. - 4. јул, 2014
17. (са Н. Пејовић, Ж. Мијајловић, С. Малков) Digitalni arhiv „Milutin Milankovic“, Конференција Развој астрономије код Срба VIII, 2014, од 22.04.2014. до 26.04.2014., Астрономско друштво "Руђер Бошковић"
18. (са С. Малков, Н. Вукша-Поповић, Б. Стојановић): Дигитализација архиве студентске службе Математичког факултета, Конференција: Дигитализација културне баштине и

- дигитална хуманистика: XII национална конференција са међународним учешћем 10.09.2015.-11.09.2015. Србија, Зборник апстраката, pp. 7-7, ISBN: 978-86-7589-103-1 Математички факултет, Београд,
19. (са Н. Пејовић, Ж. Мијајловић, С. Малков) Serbian and International Honors Awarded to Milutin Milanković, Konferencija: Конференција: Дигитализација културне баштине и дигитална: XII национална конференција са међународним учешћем 10.09.2015.-11.09.2015. Србија ISBN: 978-86-7589-103-1, Математички факултет, Београд, зборник апстраката pp.9-9

1.6 Техничка решења

Детаљни опис се налази на сајту Министарства просвете, науке и технолошког развоја

1. (са Б. Стојановић, Б. Вучковић, Ж. Мијајловић, М. Маљковић, Н. Пејовић, Н. Вукша Поповић, С. Малков) Израда веб презентације Дигитални легати (категирија М81), 2013
2. (Н. Вукша Поповић, С. Малков, Ж. Мијајловић, Н. Пејовић) Дигитални легати (категирија М81), 2013
3. (са Б. Стојановић, Б. Вучковић, Ж. Мијајловић, М. Маљковић, Н. Пејовић, Н. Вукша Поповић, С. Малков) Дигитална архива и легати (категирија М85), 2014
4. (са А. Пејовић, Б. Стојановић, Ж. Мијајловић, М. Маљковић, Н. Пејовић, Н. Вукша Поповић, С. Малков) Унапређење ВЕБ презентације Виртуелне библиотеке Математичког факултета у Београду (категирија М85), 2014
5. (са Н. Вукша Поповић, Б. Вучковић, В. Вучковић, Ж. Мијајловић, М. Маљковић, Н. Пејовић, С. Малков, Б. Стојановић, С. Максимовић, С. Стојановић, Д. Вишић, С. Милисављевић) Дигитални легати - Признати програмски систем (уз доказ) (категирија М85), 2015
6. (са Ж. Мијајловић, Н. Вукша Поповић, С. Малков, М. Маљковић, Н. Пејовић, Б. Стојановић, А. Пејовић) Унапређење ВЕБ презентације Виртуелне библиотеке Математичког факултета у Београду (категирија М85), 2015
7. (са Ж. Мијајловић, Н. Пејовић, С. Малков, Н. Вукша Поповић, М. Маљковић, Б. Стојановић, Б. Вучковић, С. Максимовић, С. Стојановић) Дигитални легати - унапређење (категирија М85), 2016
8. (са Ж. Мијајловић, Н. Пејовић, Н. Вукша Поповић, С. Малков, М. Маљковић, Б. Стојановић, А. Пејовић) Унапређење Веб презентације виртуалне библиотеке Математичког факултета (категирија М85), 2016
9. (са Ж. Мијајловић, Н. Пејовић, С. Малков, Н. Вукша Поповић, М. Маљковић, Б. Стојановић, С. Максимовић, С. Стојановић, Д. Вишић, С. Милисављевић) Дигитални легати – унапређење (категирија М81), 2017
10. (са Ж. Мијајловић, Н. Пејовић, С. Малков, Н. Вукша Поповић, А. Пејовић, М. Маљковић, Б. Стојановић) Унапређење Веб презентације виртуалне библиотеке Математичког факултета (категирија М81), 2017

1.7 Стручни радови

1. Запис података у рачунару, Републички семинар 2003. о настави математике и рачунарства, Београд 2003.
2. Функционално програмирање - предности и недостаци, Републички семинар 2009. о настави математике и рачунарства, Београд 2009.
3. IEEE 754-2008 стандард за аритметику реалних бројева у покретном зарезу, Републички семинар 2010. о настави математике и рачунарства, Београд 2010.

IV ПРИКАЗ РАДОВА

Докторска дисертација односи се на дефинисање функцијског интерфејса ка релационим базама података. Доказане су главне особине дефинисаног интерфејса и представљена је једна имплементација. Дефинисани функцијски интерфејс карактерише се минималним скупом услова, тј. правилима по којима се пројектује, и независан је како од изабране функционалне компоненте тако и од изабраног система за управљање базама података. Описана конкретна имплементација односи се на функционални језик Lispkit Lisp и релациони систем за управљање базама података DB2. Имплементација је изведена на систему IBM 3090 под оперативним системом MVS/ESA.

Магистарски рад и рад 1.4.3 односе се на опис и имплементацију ФП језика и процесора. Детаљно је описана програмска имплементација ФП-језика превођењем на Lispkit Lisp-језик, као и два проширења ФП-језика увођењем нових функционалних форми. Приказана је конструкција пакета програма који имплементира језички процесор ФП језика. Програмски пакет садржи преводилац ФП-језика на Lispkit Lisp-језик, програмске симулаторе SECD машине и преводилац Lispkit Lisp-језика на машински језик SECD машине. Извршавање ФП-програма је могуће у интерактивном или пакетном начину рада.

Радови у часописима:

У раду 1.1.1. изложено је проширење Lispkit Lisp језика функцијама Explode и Implode које се не могу дефинисати као корисничке функције. У раду су приказане потребне модификације преводиоца Lispkit Lisp језика на машински језик SECD машине, као и имплементација нових машинских инструкција у програм симулатор SECD машине.

Рад 1.1.2 приказује један начин повезивања три IBM маинфреме рачунара у мрежу који омогућава измену порука, интерактивни и пакетни рад на сваком од њих. Повезивање је извршено коришћењем SNA концепта са дистрибуираном обрадом података уз коришћење оперативног система MVS и ACF/VTAM односно ACF/NCP софтвера за комуникациону подршку.

У раду 1.1.3. приказана је конструкција рекурзивног алгорита којим се успешно решава проблем нарастања броја делова. Алгоритам је кодиран у чисто функционалном програмском језику Lispkit Lisp уз коришћење интерфејса ка релационој бази података DB2. Проблем се своди на обилазак дрвета и конструкцију табеле (уписане у релационој бази) која садржи информације о структури дрвета. У раду је изложен и алгоритам за једнозначну конструкцију дрвета на основу садржаја добијене табеле.

Радови 1.1.4, 1.1.5, 1.1.7, 1.1.8, 1.1.10, 1.1.14, 1.1.16, 1.1.17, 1.1.19 и 1.1.21 припадају области биоинформатике. Радови 1.1.4. и 1.1.5. садрже резултате биоинформатичких истраживања SARS коронавируса. Рад 1.1.4. приказује нуклеотидну структуру 38 изолата и једну методу њихове класификације базиране на полиморфизму. Рад 1.1.5. проширује резултате из рада 1.1.4. на ширу класу (103 изолата), и на друге аспекте бionформатичке студије као што су синонимне и несинонимне супституције, промене својстава аминокиселина, идентификација хаплогена. У радовима 1.1.7. и 1.1.8. уводи се н-грамска техника за класификовање геномских секвенци, и примењује на карактеризацију и предвиђање специфичних геномских сегмената – геномских острва. Показано је да је предвиђање посебно ефикасно у случају патогених геномских острва. У раду 1.1.10. се анализира однос садржаја неуређених делова протеина прокариотских организама и веза са кластером ортологичких група протеина. Показано је да бактеријски протеини који припадају групама Cellular processes и Information storage and processing имају виши проценат неуређених делова протеина у односу на остале групе, као и да парови геномских карактеристика (нпр. велики геном-висок садржај GC нуклеотида, факултативно анаеробни организми са ниским садржајем GC -а, итд.) имају висок проценат неуређених делова протеина. У раду 1.1.14. је представљен модел за карактеризацију епитопа у односу на уређеност/неуређеност региона протеина којима припада епитоп, као и према особинама аминокиселина које преовлађују у тим регионима. Резултати су добијени применом методе на скуп од преко 8 милиона протеина. У раду 1.1.16. се испитује се повезаност пронађених особина епитопа (на основу модела из рада 1.1.14.) са туморским антигенима. У раду 1.1.17. се

дефинише класификациони модел за предвиђање карактеристичне групе („COG“) којој припада протеин. Како основа модела користе се н-грамска техника и системи Буловских неједначина. У раду 1.1.19. је представљен програмски систем који омогућује истовремено поређење резултата предиктора из различитих области (неуређеност протеина, проналажење епитопа, хидрофобност), као и масовну (на произвољан број улазних секвенци) примену предиктора за одређивање особина протеина. У раду 1.1.21 је приказан модел за одређивање статистички значајних поновака у нуклеотидним и протеинским секвенцама. Модел омогућава процену значајности директних и индиректних комплементарних и некомплементарних поновака.

У раду 1.1.13. је дефинисана техника (на основу алгорита идејно сличног са принципима електромагнетизма) за подешавање улазних параметра машине са подржавајућим векторима, која је често коришћена метода у истраживању података.

Радови 1.1.6, 1.1.9, 1.1.12, 1.1.15, 1.1.18, и 1.1.20 су везани за дигитализацију културне баштине. У раду 1.1.6. описан је систем који се користи за рачунарско складиштење и приказ оригиналних новинских исечака везаних за један од периода у животу и раду Николе Тесле. Сlike се чувају у релационој бази података. Приступ сликама је преко WWW-а, уз интерфејс који се формира коришћењем функционалног програмског језика. Претраживање материјала је омогућено по кључним речима и по садржају одговарајућих текстова из исечака. У раду 1.1.9. описан је прототип централног регистра дигитализованог културног наслеђа. Регистар се користи за проналажење дигиталних ресурса на основу критеријума унетих помоћу посебног интерфејса. Радови 1.1.12, и 1.1.15 везани су за конструкцију дигиталних легата и опис њиховог садржаја; рад 1.1.18 садржи приказ конструисаног легата који садржи детаље из живота и рада Милутина Миланковића, док су у раду 1.1.20 детаљно описани награде и признања које је Милутин Миланковић добио за свој научни рад. Рад 1.1.11. садржи приказ нових алгорита за истраживање података заснованих на агентима који могу да буду примењени над подацима прикупљеним из бежичних сензорских мрежа.

Саопштења на међународним научним скуповима објављена у целини у зборницима радова (категорија М33):

Рад 1.2.1. бави се проблемима који настају укључењем примитивних типова података у окружење чистих комбинатора, комбинаторним својствима примитивних константи и њиховом апликацијом и редукцијом.

Радови 1.2.2.–1.2.5., 1.2.7–1.2.16., 1.2.18.–1.2.21. припадају области биоинформатике. Радови 1.2.2—1.2.4 односе се на различите методе у рачунарској анализи геномских секвенци – н-грамске технике у идентификовању карактеристика нуклеотидних секвенци (рад 1.2.2), секундарне структуре протеинских секвенци (рад 1.2.3), и палиндромске карактеристике генома вируса (рад 1.2.4). У раду 1.2.5 приказани су различити аспекти утицаја геномског полиморфизма на промену особина структурног S протеина SARS коронавируса, који је посебно значајан као носилац вирулентних својстава. У раду 1.2.7. је представљен систем за одређивање растојања аминокиселина у протеинима. Растојање може да се мери на пет различитих начина који омогућују да се растојање аминокиселина, како међусобно у оквиру једног протеина тако и између аминокиселина у различитим протеинима, разматра са различитих аспеката који омогућују квалитетнију анализу њихових интеракција. У раду 1.2.8 је анализирана корелација појављивања Т-хелијских епитопа и уређености региона туморског протеина EBNA1. Радови 1.2.9, 1.2.10, 1.2.12, 1.2.15 и 1.2.21 такође анализирају појављивање Т-хелијских епитопа различитим методама и у зависности од различитих карактеристика: кластеровањем у односу на структурне регионе канцер/тестис туморских протеина (рад 1.2.9), корелацијом фреквенције појављивања и уређених/неуређених региона туморских и не-туморских протеина (радови 1.2.10, 1.2.12 и 1.2.15), и предвиђањем локације у зависности од физичко-хемијских особина аминокиселина и везивања за МНС лиганде (рад 1.2.21).

Рад 1.2.11 садржи преглед активности истраживачке групе која се бави биоинформатиком на Математичком факултету. Рад 1.2.13 садржи приказ резултата анализе зрна кукуруза помоћу

инфрацрвене спектроскопије, у односу на њихов хемијски састав. Рад 1.2.14 садржи приказ резултата добијених применом методе одређивања правила придруживања међу карактеристикама прокариотских организама. Према добијеним резултатима, карактеристике прокариотских организама могу да се групишу у целине унутар којих постоји одређена међузависност карактеристика. Рад 1.2.16 садржи преглед резултата добијених за одређивање међусобне повезаности генотипских, фенотипских и таксономских категорија прокариотских организама. У раду 1.2.18 је приказана зависност неструктурираних протеинских региона Археа у односу на геномске и протеомске карактеристике. У раду 1.2.19 су приказани резултати добијени уз помоћ метода истраживања података анализе повезаности инфекције организмом *Toxoplasma gondii* и шизофреније, а у раду 1.2.20 методе за филтрирање при одређивању поновака у протеинским и нуклеотидним секвенцама.

У раду 1.2.6 је анализирана примена електронског уџбеника из диференцијалне геометрије у настави, док је у раду 1.2.17 дат детаљан приказ скупа научних радова Милутина Миланковића расположивих у дигиталном легату.

Приказ радова из осталих категорија:

Рад 1.3.1 као и радови 1.4.1 и 1.4.2 описују имплементацију система кристалографских програма у MVS-TSO/E окружењу и развој корисничког интерфејса према ISPF Dialog Manager-у, тј. имплементацију, проширење и примену CSD (Cambridge Structural Database) система под MVS-TSO/E која омогућава кориснику да претражује CSD на интерактиван начин кроз систем менија. Сам процес израчунавања се базира на адаптираним програмима GX система Mallinson и Muir-a. Систем омогућава и графички приказ (на графичком терминалу или штампачу) добијене структуре молекула или кристала коришћењем ORTEP програма прилагођеног графичком пакету GDDM.

Радови 1.3.2, 1.5.7, 1.5.8 су везани за конструкторску мултимедијалних уџбеника. У раду 1.5.7 се приказују технолошке потребе и тренутне могућности за развој интерактивног (електронског) курса који би садржавао материјал из универзитетских курсева. У 1.5.8 је описан развој електронског уџбеника из Аналитичке геометрије. Уџбеник садржи материјал из курса који се предаје на Математичком факултету. Поред приказа материјала омогућено је његово претраживање, приказ анимација и слика, као и комуникација са наставником. Уџбенику се приступа преко WWW-а, док је сама имплементација изведена коришћењем функционалних програмских језика и релационе базе података. Сечена искуства у овом пројекту су описана у раду 1.3.2. Ту су дата и упутства и предлози како се решење може уопштити за формирање и других врста мултимедијалних уџбеника. Овакав приступ је искоришћен за формирање електронског уџбеника, који се користи као помоћ у визуелизацији, описаној у раду 1.2.6, при настави диференцијалне геометрије.

Радови 1.3.3, 1.3.6, 1.3.7, 1.3.10, 1.3.18, 1.3.19, 1.4.14, 1.4.15, 1.5.9, 1.5.12—1.5.19 су везани за дигитализацију културне баштине. У раду 1.3.3 је описана имплементација базе архивских података са фотографијама старог Београда. База је организована по хијерархијској структури, уз приступ преко WWW-а и могућност претраживања материјала. Имплементација је изведена коришћењем функционалних програмских језика и релационе базе података. У раду 1.3.7 су представљене карактеристике релационе базе података неопходне за чување дигитализованог материјала и његово ефикасно коришћење. У раду 1.3.6 описан је развој система који је касније имплементиран и описан у раду 1.1.6. Прототип овог система је описан у раду 1.5.9.

У раду 1.3.10 је дат опис садржаја дигиталних легата. Рад 1.4.14 садржи приказ конструисаних дигиталних легата, док је програмска подршка за њихово функционисање описана у 1.5.15.

Група радова 1.3.18, 1.3.19, 1.4.15, 1.5.14, 1.5.16, 1.5.17 и 1.5.19 је везана за дигитални легат Милутина Миланковића. У радовима 1.5.14, 1.5.16 и 1.5.17 је дат приказ конструисаног легата који садржи детаље из живота и рада Милутина Миланковића. Детаљан приказ скупа научних радова Милутина Миланковића расположивих у легату дат је у радовима 1.3.18, 1.3.19, 1.4.15, 1.5.17, док је у 1.5.19 представљен део легата који садржи приказ награда које је добио М. Миланковић.

У раду 1.5.18 је дат преглед тренутног стања и потреба за дигитализацијом архива студентске службе Математичког факултета.

У раду 1.5.12 је описана могућност примене нерелационих база података за архивирање дигитализованог материјала, док је у 1.5.13 приказан софтвер који омогућује ефикасно чување, промену и претраживање велике количине дигитализованих података.

Радови 1.3.4—1.3.5, 1.3.8—1.3.9, 1.3.11—1.3.12, 1.3.15—1.3.17, 1.3.20—1.3.25, и 1.5.11 припадају области биоинформатике. Рад 1.3.4 укључује и н-грамску технику у идентификовању карактеристичних октаграма, а у раду 1.3.5 су приказани ефекти утицаја геномског полиморфизма на промену особина протеина SARS коронавируса. У радовима 1.3.8 и 1.3.9 се представљају модели који на основу н-грама садржаних у геномским секвенцама омогућују одређивање позиција геномских острва у бактеријским организмима. Слична анализа везана за неуређеност делова протеина и животну околину прокариотских организама је приказана у 1.3.20. Кластеровање епитопа према конструисаном моделу је описано у 1.3.12 и 1.3.17 док је корелација Т-хелијских епитопа са уређеним/неуређеним регионима протеина описана у 1.3.15. Сличну тематику покрива и рад 1.3.11. У овим радовима је дата детаљнија анализа ужих тема везаних за туморске антигене - везу региона у коме су пронађени туморски антигени са уређеним/неуређеним регионима протеина и однос према специфичним туморским антигенима – EBNA1. Рад 1.5.16 приказује примену метода истраживања података у груписању прокариотских организама помоћу њихових карактеристика. У радовима 1.3.21, 1.3.23, 1.3.26—1.3.27 су приказане анализе повезаности инфекције организмом *Toxoplasma gondii* и шизофреније, док је у раду 1.3.22 изложен кратак приказ методе за филтрирање при одређивању поновака у протеинским и нуклеотидним секвенцама. У раду 1.3.24 је приказан утицај уређених и неуређених региона протеина у хромозомима и плазмидима код прокариотских организаа, док је у раду 1.3.25 описан утицај карактеристика аминокиселина на могућност везивања за МНС лиганде.

Рад 1.3.13 садржи преглед метода истраживања података заснованих на агентима у бежичним сензорским мрежама.

Радови 1.4.4-1.4.12, 1.5.1, 1.5.2, 1.5.4-1.5.6 и 1.5.10 припадају области функционалног програмирања и база података. У раду 1.4.4 је изложена оригинална програмска имплементација PROG механизма - наредбе програмског циклуса у чисто функционалном програмском језику Lispkit Lisp. Начин на који је извршена имплементација обезбеђује очување структуре Lispkit Lisp-а као чисто функционалног програмског језика. Програмска имплементација је извршена проширењем програма симулатора SECD машине и модификацијом програма преводиоца Lispkit Lisp језика на машински језик SECD машине. У раду 1.4.5 описан је програмски интерфејс који омогућује програмима писаним у чисто функционалном програмском језику Lispkit Lisp да приступају DB2 релационој бази података. Комуникација се обавља коришћењем упитног језика SQL. Упит у Lispkit Lisp-у је представљен функцијом чија вредност се израчунава коришћењем механизма динамичког SQL-а. Добијени резултат се конвертује у листу и враћа у програм, при чему сваки од елемената листе представља један ред у резултујућој табели.

У раду 1.4.6 изложена је имплементација проширења скупа елементарних типова података SQL/Lispkit Lisp језика функционалним типом података. Овај тип чине три компоненте: име функције, њена дефиниција и извршни код функције. Коришћењем функционалног типа омогућује се писање компактних, јаснијих и ефикаснијих програма, као и формирање библиотеке извршних Lispkit Lisp програма. У раду 1.4.7 изложен је један начин решавања проблема везаних за ефикасну међусобну комуникацију функционалних програма и чување и претраживање велике количине података при развоју интерактивних система у функционалним програмским језицима. Приказано решење је засновано на интерфејсу између релационе базе података и функционалног програмског језика. Интерфејс омогућује конкурентан приступ и једноставну обраду података, као и интерактивну комуникацију функционалних програма коришћењем сервиса релационе базе за размену порука. Сличним проблемом се бави и рад 1.5.5. У раду 1.4.8 описан је један начин формирања библиотеке извршних програма у функционалним програмским језицима који се извршавају на SECD машини. Као основа за имплементацију библиотеке се користи функцијски интерфејс између релационе базе података DB2 и

функционалног програмског језика. Библиотека је представљена табелом у релационој бази података. У раду 1.4.9 разматра се коришћење релационе базе података за моделирање проширене околине у функционалним програмским језицима. У раду се дају правила за дефинисање интерфејса између функционалног програмског језика и базе података, који омогућује чување свих података из функционалног програма у релационој бази, без обзира на њихов тип. Рад такође садржи анализу коришћења проширене околине при истовременом извршавању више функционалних програма, као и пример конкретне имплементације проширене околине.

Рад 1.4.10 приказује имплементацију оптимизоване SK редукционе машине. Оптимизација је изведена проширењем скупа основних комбинатора и увођењем одговарајућих правила за редукцију. Машина је додатно оптимизована уграђивањем алгоритма за оцену редуцибилности redex-а. На крају рада је дат упоредни приказ ефикасности извршавања програма у зависности од броја основних комбинатора и извршена процена оправданости увођења појединих комбинатора. У раду 1.4.11 дат је приказ проширеног SQL упитног језика подржаног функцијским интерфејсом. Описана проширења омогућују једноставнију формулацију и рад са SQL упитима, као и проширења скупа типова података на које SQL упити могу да се примене. Рад 1.4.12 представља кратак резиме докторске дисертације. У раду 1.5.1 дат је приказ конструкције интерпретатора за језик SMALL заснованог на денотацијској семантици језика. Рад 1.5.2 приказује модел рекурзивног алгоритма којим се успешно решава проблем нарастања броја делова. Алгоритам је кодиран у чисто функционалном програмском језику Lispkit Lisp уз коришћење интерфејса ка релационој бази података DB2. Алгоритам доноси нови квалитет јер постављени проблем није могуће решити у појединачној компоненти (функционалном језику Lispkit Lisp или тадашњој верзији DB2).

Рад 1.5.4 приказује имплементацију интерфејса ка релационој бази података DB2 у лењом функционалном језику Lispkit Lisp. Наведене су предности имплементације интерфејса у лењом у односу на вредни програмски језик. Рад 1.5.6 бави се решавањем проблема везаних за релационе базе података, који укључују рекурзију. За разлику од интерактивне и апликативне варијанте упитног језика, које немају могућност извршавања рекурзивних алгоритма, ова класа проблема успешно се решава коришћењем функцијског интерфејса ка релационим базама, чија је реализација описана у докторској дисертацији. У овом раду дају се примери таквих проблема, алгоритми и програмска решења. У раду 1.5.10 је описано увођење строге типизираности у функционални програмски језик који има интерфејс ка релационим базама података. Описана је имплементација предложеног механизма као и предности које такав механизам доноси.

У раду 1.5.3 извршена је анализа репрезентативног узорка имена и презимена (грађана Београда) на графемском и лексичком нивоу и анализирани су проблеми енкодирања добијених информација у односу на норме нашег језика.

Техничка решења садрже описе програмских система Веб презентације дигиталних легата и проширења (укупно шест решења), као и Веб презентације Виртуалне библиотеке Математичког факултета и њених унапређења (укупно четири решења) која садржи магистарске тезе, докторске дисертације, мастер радове и одабране скениране књиге из математике, астрономије и механике.

V ЦИТИРАНОСТ РАДОВА

Наведена цитираност научних радова (без аутоцитата) према Кобсону (Web of Science, SCOPUS)

Рад 1.1.4, *Bioinformatics analysis of SARS coronavirus genome polymorphism*, *BMC Bioinformatics* 2004- 7 цитата

1. D. Endoh, et al., Species-independent detection of RNA virus by representational difference analysis using non-ribosomal hexanucleotides for reverse transcription, *Nucleic Acids Research* 33(6):pp. 1-11 (2005)
2. D. J. Esteban, et al., New bioinformatics tools for viral genome analyses at Viral Bioinformatics-Canada, *Pharmacogenomics* 6(3), 271-280 (2005)

3. X. Wang, et al, Protection of mammalian cells from severe acute respiratory syndrome coronavirus infection by equine neutralizing antibody, *Antiviral Therapy* 10 (5), pp. 681-690 (2005)
4. L. Shang, et. al., Polymorphism of SARS-CoV genomes, *Acta Genetica Sinica* 33 (4), pp. 354-364, (2006)
5. A. Azizi, et al., Immunogenicity of a polyvalent HIV-1 candidate vaccine based on fourteen wild type gp120 proteins in golden hamsters, *BMC Immunology* 7, art. no. 25 (2006)
6. Hon CC, et al. Evidence of the recombinant origin of a bat severe acute respiratory syndrome (SARS)-like coronavirus and its implications on the direct ancestor of SARS coronavirus, *Journal of virology* 82 (4), pp. 1819-1826 (2008)
7. Bo Liao, et al., Coronavirus phylogeny based on 2D graphical representation of DNA sequence, *Journal of Computational Chemistry*, Volume 27, Issue 11, pages 1196-1202, August 2006

Рад 1.1.5, *SARS-CoV Genome Polymorphism: A Bioinformatics Study, Genomics, Proteinomics and Bioinformatics 2005*- 1 цитат

1. B. Rockx, et al., Synthetic reconstruction of zoonotic and early human severe acute respiratory syndrome coronavirus isolates that produce fatal disease in aged mice, *Journal of Virology* 81 (14), pp. 7410-7423 (2007)

Рад 1.1.7, *Could n-gram analysis contribute to genomic island determination?*, *Journal of Biomedical Informatics*, (2008) - 2 цитата

1. Osmanbeyoglu HU, et al., N-gram analysis of 970 microbial organisms reveals presence of biological language models, *BMC Bioinformatics* 12(12) Volume: 12 Article Number: 12 Published: JAN 10 2011
2. Ganapathiraju, M.K. , Mitchell, A.D. , Thahir, M., Suite of tools for statistical N-gram language modeling for pattern mining in whole genome sequences, *Journal of Bioinformatics and Computational Biology*, Volume 10, Issue 6, December 2012

Рад 1.1.8, *N-gram characterization of genomic islands in bacterial genomes, Computer Methods and Programs in Biomedicine*, (2009) - 5 цитата

1. Osmanbeyoglu HU, et al., N-gram analysis of 970 microbial organisms reveals presence of biological language models, *BMC Bioinformatics* 12(12) Volume: 12 Article Number: 12 Published: JAN 10 2011
2. Vilares Jesus, et al., Managing misspelled queries in IR applications , *Information Processing & Management* Volume: 47 Issue: 2 Pages: 263-286 (2011)
3. Du Pengcheng, et al., A large scale comparative genomic analysis reveals insertion sites for newly acquired genomic islands in bacterial genomes *BMC MICROBIOLOGY* Volume: 11, Article Number: 135 (2011)
4. Ganapathiraju, Madhavi K.; Mitchell, Asia D.; Thahir, Mohamed; et al. Suite of tools for statistical N-gram language modeling for pattern mining in whole genome sequences, *Journal of Bioinformatics and Computational Biology* 10(6),1250016
5. Khoenkaw, P., Piamsa-nga, P.: N-Gram Signature for Video Copy Detection, *Advances in Intelligent Systems and Computing* 265 AISC, pp. 335-344

Рад 1.1.10, *Bioinformatics analysis of disordered proteins in prokaryotes, BMC Bioinformatics 2011* – 20 цитата

1. Eftekharzadeh, B., Hyman, B.T., Wegmann, S. , Structural studies on the mechanism of protein aggregation in age related neurodegenerative diseases, *Mechanisms of Ageing and Development* Volume 156, June 01, 2016, Pages 1-13
2. Ding, Dewu; Li, Ling; Shu, Chuanjun; et al., K-shell Analysis Reveals Distinct Functional Parts in an Electron Transfer Network and Its Implications for Extracellular Electron Transfer *FRONTIERS IN MICROBIOLOGY* Volume: 7 Article Number: 53C, 2016
3. Dorival, Jonathan; Annaval, Thibault; Risser, Fanny; et al., Characterization of Intersubunit Communication in the Virginiamycin trans-Acyl Transferase Polyketide Synthase, *JOURNAL*

- OF THE AMERICAN CHEMICAL SOCIETY Volume: 138 Issue: 12 Pages: 4155-4167, 2016
4. Environmental Pressure May Change the Composition Protein Disorder in Prokaryotes By: Vicedo, Esmeralda; Schlessinger, Avner; Rost, Burkhard PLOS ONE Volume: 10 Issue: 8, 2015
 5. Andersson, D.I., Jerlström-Hultqvist, J., Nsvall, J., Evolution of new functions de novo and from preexisting genes, Cold Spring Harbor Perspectives in Medicine, 5(7), 2015
 6. Kirkwood-Buff Approach Rescues Overcollapse of a Disordered Protein in Canonical Protein Force Fields By: Mercadante, Davide; Milles, Sigrid; Fuertes, Gustavo; et al. JOURNAL OF PHYSICAL CHEMISTRY B Volume: 119 Issue: 25 Pages: 7975-7984, 2015
 7. Evolution of New Functions De Novo and from Preexisting Genes By: Andersson, Dan I.; Jerlström-Hultqvist, Jon; Nasvall, Joakim COLD SPRING HARBOR PERSPECTIVES IN BIOLOGY Volume: 7 Issue: 6, 2015
 8. Identifying Similar Patterns of Structural Flexibility in Proteins by Disorder Prediction and Dynamic Programming By: Petrovich, Aidan; Borne, Adam; Uversky, Vadimir N.; et al. INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES, Volume: 16 Issue: 6 Pages: 13829-13849, 2015
 9. Panda, Arup; Ghosh, Tapash Chandra, Prevalent structural disorder carries signature of prokaryotic adaptation to oxic atmosphere, GENE Volume: 548 Issue: 1 Pages: 134-141, 2014
 10. van der Lee, Robin; Buljan, Marija; Lang, Benjamin; et al., Classification of Intrinsically Disordered Regions and Proteins CHEMICAL REVIEWS Volume: 114 Issue: 13 Pages: 6589-6631, 2014
 11. Kovačević J. J.:Computational analysis of position-dependent disorder content in disordered database, Genomics, Proteomics and Bioinformatics 10(3), pp. 158-165
 12. GC-made protein disorder sheds new light on vertebrate evolution By: Panda, Arup; Podder, Soumita; Chakraborty, Sandip; et al. GENOMICS Volume: 104 Issue: 6 Pages: 530-537 Part: B, 2014
 13. Yruela, Inmaculada; Contreras-Moreira, Bruno, Genetic recombination is associated with intrinsic disorder in plant proteomes, BMC GENOMICS Volume: 14 Article Number: 772, 2013
 14. Karpinets, Tatiana V.; Park, Byung H.; Uberbacher, Edward C. Analyzing large biological datasets with association networks, NUCLEIC ACIDS RESEARCH Volume: 40 Issue: 17, 2012
 15. Pancsa, Rita; Tompa, Peter Structural Disorder in Eukaryotes PLOS ONE Volume: 7 Issue: 4, 2012
 16. Hegyi, Hedi; Tompa, Peter, Increased structural disorder of proteins encoded on human sex chromosomes MOLECULAR BIOSYSTEMS Volume: 8 Issue: 1 Pages: 229-236, 2012
 17. Yruela, I., Contreras-Moreira, B., Magalhães, C., Oso Rio, N.S., Gonzalo-Asensio, J. : Mycobacterium tuberculosis Complex Exhibits Lineage-Specific Variations Affecting Protein Ductility and Epitope Recognition, Genome Biology and Evolution 8(12), pp. 3751-3764
 18. Lopez-Ezquerro, A. , Harrison, M.C. , Bornberg-Bauer, E.: Comparative analysis of lincRNA in insect species, (2017) BMC Evolutionary Biology
 19. Jenner Matthew et al.: Mechanism of intersubunit ketosynthase-dehydratase interaction in polyketide synthases, Nature Chemical Biology 14(3), pp. 270-275, 2018
 20. Ranganathan, Sridevi et al.:Novel structural features drive DNA binding properties of Cmr, a CRP family protein in TB complex mycobacteria, Nucleic Acid Research, Vol. 46, No. 1, pp. 403-420, 2018

Рад 1.1.14, *Epitope distribution in ordered and disordered protein regions - Part A. T-cell epitope frequency, affinity and hydropathy*, *Journal of immunological methods* (2014) – 3 цитата

1. Guy, A.J. , Irani, V. , MacRaid, C.A. Insights into the immunological properties of intrinsically disordered malaria proteins using proteome scale predictions Volume 10, Issue 10, 29 October 2015
2. Abidin, R. S.; Lua, L. H. L.; Middelberg, A. P. J.; et al. Insert engineering and solubility screening improves recovery of virus-like particle subunits displaying hydrophobic epitopes PROTEIN SCIENCE Volume: 24 Issue: 11 Pages: 1820-1828
3. Yruela, Inmaculada; Contreras-Moreira, Bruno; Magalhães, Carlos; et al.: Mycobacterium tuberculosis Complex Exhibits Lineage-Specific Variations Affecting Protein Ductility and

Рад 1.1.16, *Epitope distribution in ordered and disordered protein regions. Part B – Ordered regions and disordered binding sites are targets of T- and B-cell immunity Journal of immunological methods (2014) – 7 цитата*

1. Tschochner, Monika; Leary, Shay; Cooper, Don; et al. Identifying Patient-Specific Epstein-Barr Nuclear Antigen-1 Genetic Variation and Potential Autoreactive Targets Relevant to Multiple Sclerosis Pathogenesis, PLOS ONE Volume: 11 Issue: 2, 2016
2. Hamilton, Jennie A.; Li, Jun; Wu, Qi; et al., General Approach for Tetramer-Based Identification of Autoantigen-Reactive B Cells: Characterization of La- and snRNP-Reactive B Cells in Autoimmune BXD2 Mice, JOURNAL OF IMMUNOLOGY Volume: 194 Issue: 10 Pages: 5022-5034, 2015
3. (c) MacRaild, Christopher A.; Zachrdla, Milan; Andrew, Dean; et al. Conformational Dynamics and Antigenicity in the Disordered Malaria Antigen Merozoite Surface, Protein 2 PLOS ONE Volume: 10 Issue: 3, 2015
4. Manzano-Roman, Raul; Diaz-Martin, Veronica; Oleaga, Ana; et al. Identification of protective linear B-cell epitopes on the subolesin/akirin orthologues of Ornithodoros spp. soft ticks Manzano-Roman, Raul; Diaz-Martin, Veronica; Oleaga, Ana; et al. VACCINE Volume: 33 Issue: 8 Pages: 1046-1055, 2015
5. Forouharmehr, A., Nassiry, M.R. B and T-cell epitopes prediction of the P40 antigen for developing mycoplasma agalactiae vaccine using bioinformatic tools Genetics in the Third Millennium 13 (1), 2015
6. Manzano-Roman, Raul; Diaz-Martin, Veronica; Oleaga, Ana; et al. Identification of protective linear B-cell epitopes on the subolesin/akirin orthologues of Ornithodoros spp. soft ticks Manzano-Roman, Raul; Diaz-Martin, Veronica; Oleaga, Ana; et al. VACCINE Volume: 33 Issue: 8 Pages: 1046-1055, 2015
7. Forouharmehr, A., Nassiry, M.R. B and T-cell epitopes prediction of the P40 antigen for developing mycoplasma agalactiae vaccine using bioinformatic tools, Genetics in the Third Millennium 13 (1), 2015

Рад 1.1.13, *Electromagnetism-like algorithm for support vector machine parameter tuning, SOFT COMPUTING, (2014) – 1 цитат*

1. Cao, Qi; Yu, Lei; Cheng, Mingsheng: A Brief Overview on Parameter Optimization of Support Vector Machine, 3rd International Conference on Smart Materials and Nanotechnology in Engineering (SMNE), Sanya, PEOPLES R CHINA, pp. 275-279, 2016

Рад 1.1.19, *Software tools for simultaneous data visualization and T cell epitopes and disorder prediction in proteins, Journal of Biomedical Informatics, Vol. 60, pp. 120-131, 2016 – 1 цитат*

1. Smith, Alison; Manoli, Hugh; Jaw, Stacey; et al.: Unraveling the Effect of Immunogenicity on the PK/PD, Efficacy, and Safety of Therapeutic Proteins, Journal of Immunology Research Article Number: 2342187, 2016

VI СТРУЧНО-ПРОФЕСИОНАЛНИ ДОПРИНОС

Др Ненад Митић учествовао је у изradi Споменице 125 година Математичког факултета, као и у изradi Proceedings of the Symposium "Contemporary Mathematics", Београд, 2000.
Учествовао је на АСМ летњој школи из Софтверског инжењерства, Праг, 1998.

Урађен софтвер:

1. Различите врсте софтвера за праћење и надгледање активности ЕАРН академске мреже у периоду од 1988-1991.
2. Коаутор на изradi информационог система студентске службе Математичког факултета (студије по закону о високом школству из 2005. године)

VII ДОПРИНОС АКАДЕМСКОЈ И ШИРОЈ ЗАЈЕДНИЦИ

1. Шеф Рачунарске лабораторије Математичког факултета (у два наврата)
2. Продекан за наставу Математичког факултета
3. Шеф катедре за Рачунарство и информатику Математичког факултета

МИШЉЕЊЕ И ПРЕДЛОГ КОМИСИЈЕ

Др Ненад Митић, у звању ванредног професора од 2011. године, држи предавања из низа предмета на основним, мастер и докторским студијама на Математичком факултету у Београду. Одговоран је и коректан у раду са студентима, ангажован у раду са надареним студентима и посебно са последипломцима. Објавио је већи број научних радова (десет у часописима са SCI листе) који су цитирани најмање 47 пута. Од првог избора у звање ванредног професора 2011. године објавио је, између осталог, шест научних радова у часописима на SCI листи. Ангажован је у организацији научних конференција и редакцијама научних часописа. Руководи научним семинаром Биоинформатика. Објавио је и три уџбеника за предмете Основи рачунарских система, Увод у организацију рачунара и Аналитичка геометрија (коаутор електронског уџбеника), као и збирку задатака из Основа програмирања. Руководио је или руководи изработом пет докторских дисертација и шест магистарских теза. Обављао је функцију продекана за наставу Математичког факултета а тренутно обавља функцију шефа Катедре за рачунарство и информатику.

Комисија сматра да кандидат др Ненад Митић испуњава све услове за избор у звање редовног професора Математичког факултета, за научну област Рачунарство и информатика, и са задовољством предлаже Изборном већу Математичког факултета да утврди предлог Већу научних области природно-математичких наука за избор др Ненада Митића у звање редовног професора за наведену област.

У Београду,
2. априла 2018.

Чланови комисије

1. _____
/др Гордана Павловић-Лажетић, ред.проф./

2. _____
/ др Миодраг Живковић, ред. проф. /

3. _____
/ др Раде Станкић, ред. проф./