

**НАСТАВНО-НАУЧНОМ ВЕЋУ
ПОЉОПРИВРЕДНОГ ФАКУЛТЕТА
УНИВЕРЗИТЕТА У БЕОГРАДУ**

Предмет: Оцена урађене докторске дисертације Ивана Вучуровића, магистарског инжењера

Одлуком Наставно-научног већа Универзитета у Београду-Пољопривредног факултета бр. 32/9-7.2. од 26.06.2019. именована је Комисија за оцену и одбрану докторске дисертације магистарског инжењера Ивана Вучуровића, истраживача сарадника Института за заштиту биља и животну средину, под насловом: „**Диверзитет врста и молекуларна карактеризација превалентних вируса инфективних за врсте рода *Allium* у Србији**“. Комисија у саставу др Ивана Станковић, ванредни професор, др Бранка Крстић, редовни професор, др Данијела Ристић, научни сарадник Института за заштиту биља и животну средину, Београд, др Драгана Милошевић, научни сарадник Института за ратарство и повртарство, Нови Сад и др Ђорђе Моравчевић, ванредни професор на основу прегледа докторске дисертације, подноси следећи:

ИЗВЕШТАЈ

1. ОПШТИ ПОДАЦИ О ДОКТОРСКОЈ ДИСЕРТАЦИЈИ

Докторска дисертација Ивана Вучуровића, магистарског инжењера, написана је на 185 страна текста и укључује 29 табела, 10 графикана и 38 оригиналних фотографија. Испред основног текста написан је резиме са кључним речима на српском и енглеском језику.

Докторска дисертација садржи 8 основних поглавља, и то: Увод (стр. 1-3), Преглед литературе (стр. 4-27), Циљеви истраживања (стр. 28-29), Материјал и методе (стр. 30-59), Резултати (стр. 60-127), Дискусија (стр. 128-152), Закључак (стр. 153-156) и Литература (стр. 157-179). На крају текста дисертације налази се Биографија кандидата (стр. 180), Изјава о ауторству (стр. 181), Изјава о истоветности штампане и електронске верзије докторског рада (стр. 182) и Изјава о коришћењу (стр. 183-184).

2. ПРИКАЗ И АНАЛИЗА ДИСЕРТАЦИЈЕ

Увод. У уводу је указано на привредни значај гајења, површине и приносе различитих врста лукова у свету и нашој земљи, као и значај проучавања болести изазваних фитопатогеним вирусима. Фитопатогени вируси представљају групу патогена који често проузрокују значајне економске штете у производњи различитих врста лукова, посебно врста које се вегетативно размножавају као што су бели лук и љутика. Међутим, иако подаци у свету, указују на чињеницу да вируси изазивају бројна и веома деструктивна обољења лукова, мало је података о њиховој појави и раширености, као и генетичкој структури популације вируса лукова присутних у Србији. Указано је на потребу проучавања и сагледавања утицаја вируса у производњи лукова у нашој земљи у циљу унапређења мера контроле обољења које изазивају.

Преглед литературе. У *Прегледу литературе*, које има шест потпоглавља, изнети су доступни литературни подаци из области која је предмет проучавања дисертације. Прво потпоглавље *Врсте рода *Allium* као гајене биљке* описује порекло, назив и поделу лукова, основне морфолошке карактеристике, гајење, значај и употребу економски

најзначајнијих врста рода *Allium*. У оквиру другог потпоглавља, *Болести и штеточине*, указано је на значај проузроковача болести и штеточине у производњи лукова, док су у потпоглављу *Вируси лукова и њихов значај* наведени економски најзначајнији вируси лукова, као и њихов значај. У потпоглављу *Проучавање најзначајнијих вирусних обољења лукова у Србији* наведени су литературни подаци о проучености вируса у нашој земљи. У петом потпоглављу *Основне карактеристике најзначајнијих вируса лукова* обрађени су литературни подаци који се односе на таксономско место, домаћине, распрострањеност, економски значај, особине и организацију генома, варијабилност, симптоматологију, начине преношења и одржавања које изазивају вирус жуте патуљавости црног лука (*Onion yellow dwarf virus*, OYDV), вирус жуте пругавости празилука (*Leek yellow stripe virus*, LYSV), обични латентни вирус белог лука (*Garlic common latent virus*, GarCLV), латентни вирус љутике (*Shallot latent virus*, SLV), вирус жуте пегавости ириса (*Iris yellow spot tospovirus*, IYSV), вирус бронзавости парадајза (*Tomato spotted wilt tospovirus*, TSWV) и вируси рода *Allexivirus*. У шестом потпоглављу *Контрола вируса лукова* обрађени су литературни подаци који се односе на најважније мере борбе које се могу применити за контролу вируса који заражавају врсте рода *Allium*.

Циљеви истраживања. Имајући у виду непостојање адекватних информација везаних за присуство и диверзитет вируса на различитим врстама лукова у Србији, као и непостојање брзих и поузданих метода детекције за поједине вирусе, основни циљеви ове докторске дисертације били су: утврђивање присуства и распрострањености вируса различитих врста лукова применом DAS-ELISA теста, испитивање присуства врста *Allexivirus* рода на белом луку у Србији као потенцијалног ограничавајућег фактора успешне производње белог лука, молекуларна детекција присутних вируса лукова применом RT-PCR методе, као и оптимизација multiplex RT-PCR методе за симултану детекцију најзаступљенијих и најзначајнијих вируса који се јављају на луковима у Србији. Циљ ове дисертације била је и молекуларна идентификација и карактеризација вируса лукова пореклом из Србије, реконструкција филогенетских стабала у циљу утврђивања међуодноса изолата из Србије са изолатима из других делова света, као и утврђивање генетичке варијабилности изолата најзначајнијих вируса лукова у Србији.

Детаљна испитивања присутних вируса лукова код нас, као и примена најсавременијих молекуларних техника имала су за циљ пре свега да унапреде методе детекције и идентификације и дају слику о заступљености и распрострањености вируса лукова у Србији, али и да допринесу разумевању њиховог порекла и еволутивне повезаности са другим изолатима широм света, као и могућем ширењу у нашој земљи. Успостављење савремених техника детекције и идентификације, нарочито multiplex RT-PCR методе, омогући ће брзу и поуздану детекцију ових вируса као први и најзначајнији корак ка успешној контроли обољења које вируси изазивају.

Материјал и методе рада. У пет потпоглавља обухваћене су методе примењене током седмогодишњих истраживања (2010-2016. година). Као почетни материјал коришћене су биљке са симптомима вирусне инфекције прикупљене са 111 локалитета гајења црног и белог лука, празилука, и других врста лукова, као што су љутика, власац, аљма и бисер лук који се гаје у Републици Србији, као и један локалитет на коме расте дивља врста, сремш (потпоглавље *Преглед терена и сакупљање узорака оболелих биљака*). Детекција присуства вируса у сакупљеним узорцима обављена је применом DAS-ELISA методе, коришћењем поликлоналних антисерума за детекцију пет економски најзначајнијих вируса лукова: OYDV, LYSV, GarCLV, TSWV и IYSV (*Серолошка испитивања*). Метода реверзне транскрипције праћене ланчаном реакцијом полимеразе (RT-PCR) уз употребу одговарајућих прајмера коришћена је за молекуларну детекцију како вируса који су серолошких детектовани у различитим врстама лукова у Србији, тако и

SLV и врста рода *Allexivirus* (Молекуларна испитивања). Екстракција укупних РНК из узорака заражених биљака лукова, обављена је коришћењем RNeasy Plant Mini кита (Qiagen, Hilden, Germany) према протоколу произвођача, док је за умножавање циљних секвенци коришћен „One-step“ RT-PCR кит (Qiagen, Hilden, Germany). Осим тога, multiplex RT-PCR метода је коришћена за симултану детекцију више вируса лукова коришћењем прајмера специфичних за најраспрострањеније и најчешће заступљене вирусе у нашој земљи (OYDV, GarCLV, LYSV, SLV, *Allexivirus*). Након молекуларне детекције и успешне амплификације одређених, циљаних делова генома карактеристичних за поједине вирусе, а у циљу даље карактеризације изолата најучесталијих и најраспрострањенијих вируса присутних у усевама лукова у нашој земљи (OYDV, LYSV и GarCLV), али и новооткривених вируса лукова код нас (SLV и врста рода *Allexivirus*), одабрани изолати послати су на услужно пречишћавање и секвенцирање (Macrogen Europe, Холандија). Добијене секвенце су најпре идентификоване применом BLAST анализе, а касније и окарактерисане вишеструким упаривањем са секвенцама које су показивале највиши степен сличности у BLAST анализи и прорачуном генетичке сличности коришћењем MEGA X софтвера (Молекуларна идентификација најзначајнијих врста вируса лука). Филогенетске анализе, односно проучавање еволутивне повезаности изолата три најзаступљенија вируса (OYDV, GarCLV и LYSV), као и четири врсте рода *Allexivirus* (GarV-A, GarV-B, GarV-C и GarV-D) обављено је реконструкцијом филогенетских стабала на основу секвенци добијених у овим истраживањима и одабраних секвенци из GenBank базе података. Реконструкција филогенетских стабала обављена је коришћењем *neighbour-joining* методе за LYSV, односно *maximum likelihood* методе за OYDV, GarCLV, GarV-A, GarV-B, GarV-C и GarV-D коришћењем MEGA X софтвера.

Резултати. Резултати истраживања приказани су јасно, уз концизна текстуална тумачења, прегледне табеле, графиконе и слике које илуструју делове истраживања у оквиру седам потпоглавља. У потпоглављу *Симптоми у пољу и учесталост обољења* дат је детаљан опис симптома забележених током прегледа усева лукова у различитим локалитетима у периоду 2010-2016. година. Описани симптоми документовани су оригиналним фотографијама, а на сваком прегледаном локалитету визуелно је процењена и учесталост обољења. На основу резултата DAS-ELISA теста (*Доказивање присуства вируса у сакупљеним узорцима лукова примјеном DAS-ELISA методе*) у усевама лукова у Србији детектовано је присуство пет вируса: OYDV, LYSV, GarCLV, TSWV и IYSV у појединачној или мешаној инфекцији. Резултати су приказани прегледно за све године испитивања помоћу табела, мапа прегледаних локалитета и графички. Најзаступљенији вируси током 2010. године били су OYDV и GarCLV, који су детектовани на четири од 13 прегледаних локалитета што их чини и најраспрострањенијим вирусима. Као најзаступљенији вируси 2011. године детектовани су TSWV и GarCLV, који су уједно били и најраспрострањенији. Током 2012. године најзаступљенији вирус био је OYDV, док је на највећем броју локалитета детектован LYSV. Најзаступљенији вирус 2013. године био је OYDV, док су OYDV, LYSV и GarCLV били једнако распрострањени и детектовани су на по четири локалитета. Најзаступљенији и најраспрострањенији вирус 2014. био је OYDV, док је 2015. године најзаступљенији вирус био LYSV. Као најраспрострањенији вируси 2015. године детектовани су LYSV и GarCLV који су били присутни на 13 од 39 прегледаних локалитета. Током 2016. године најраспрострањенији вирус био је GarCLV, док је на највећем броју локалитета доказан LYSV. Укупно посматрано, током свих седам година истраживања, као најзаступљенији вирус се показао OYDV детектован у 27%, а затим GarCLV детектован у 26,2% испитиваних узорака. Током ових истраживања најраспрострањенији вирус у различитим усевама лукова у Србији био је GarCLV чије је

присуство доказано на 41 (37%) прегледаном локалитету, док је други по распрострањености био OYDV (37 локалитета). Вируси су детектовани у појединачним и мешаним инфекцијама, а од мешаних инфекција најзаступљеније су биле двоструке инфекције и то мешана инфекција два превалентна вируса, OYDV и GarCLV. У циљу молекуларне детекције свих пет вируса доказаних серолошким методама, али и за детекцију SLV примењена је RT-PCR метода (*Молекуларна детекција вируса лукова*). Прво је испитана погодност прајмера специфичних за одређени вирус за рутинску детекцију и даљу молекуларну карактеризацију изолата наведених вируса. Осим тога, RT-PCR метода је коришћена и за детекцију вируса рода *Allexivirus* (*Молекуларно доказивање изолата врста рода Allexivirus*). Након примене RT-PCR методе и општих прајмера ALLEX1/ALLEX2, утврђено је да је 85,9% испитаних узорака белог лука било заражено неком врстом вируса рода *Allexivirus*. Даљом анализом, применом специфичних прајмера за шест врста рода *Allexivirus* и RT-PCR методе утврђено је да је GarV-B најзаступљенији вирус рода *Allexivirus* на белом луку у Србији, детектован у 85,9% узорака (*Учесталост вируса рода Allexivirus*). Вируси рода *Allexivirus* јавили су се у појединачним и у мешаним инфекцијама, од којих су мешане биле заступљеније (65,8%). Најчешће је детектована мешана инфекција са три вируса (34,3%). У потпоглављу *Симултана детекција најзначајнијих вируса лукова* приказани су резултати примене брзе и поуздане методе за симултану детекцију најраспрострањенијих и најчешће заступљених вируса лукова: OYDV, LYSV, GarCLV, SLV и вируса рода *Allexivirus*. Метода се показала успешном за детектовање изолата наведених вируса, како у појединачним, тако и у мешаним инфекцијама. Молекуларна идентификација три најзаступљенија и најраспрострањенија вируса лукова, OYDV, GarCLV и LYSV, као и ново детектованих вируса за нашу земљу SLV и врста рода *Allexivirus* обављена је, након секвенцирања одговарајућих генских региона, прорачуном генетичког диверзитета са секвенцама изолата одговарајућег вируса депонованих у GenBank бази података и дата је у потпоглављу *Молекуларна идентификација и филогенетске анализе вируса лукова присутних у Србији*. Анализом секвенци CP гена изолата OYDV из Србије утврђен је висок степен диверзитета изолата овог вируса, што показује и филогенетско стабло у којем су се изолати OYDV из Србије сврстали у четири различите подгрупе од чега је једна подгрупа била само са изолатима OYDV из белог лука из Србије. Анализа три секвенце CP гена LYSV пореклом из различитих врста лукова из Србије, показала је значајан степен генетичког диверзитета како између секвенци из Србије, тако и са секвенцама изолата из различитих делова света. Два изолата LYSV из Србије из празилука сврстали су се у групе В и D са изолатима из белог лука односно празилука, док се изолат из белог лука сврстао у групу Е са изолатима из белог лука. Молекуларна идентификација и карактеризација изолата GarCLV показала је одређени степен диверзитета секвенци изолата овог вируса пореклом из Србије. Филогенетско стабло на основу секвенци CP гена показало је груписање изолата у три групе, а изолати GarCLV из Србије из белог лука и празилука сврстали су се у групу I, уз издвајање изолата из празилука у самосталну подгрупу. Анализа секвенци CP и NABP (*Nucleic acid binding protein*) гена изолата GarV-A из белог лука из Србије указала је на одређени степен генетичког диверзитета. Филогенетско стабло је показало груписање изолата у пет група, а изолати GarV-A из Србије су се груписали три групе: II, III и V, а групу V је чинио само изолат из Србије. Молекуларна карактеризација изолата GarV-B из белог лука из Србије указала је на постојање генетичког диверзитета у оквиру популације овог вируса у Србији. Филогенетско стабло на основу секвенци CP и NABP гена показало је груписање изолата у три групе, а изолати GarV-B из Србије су се груписали у две групе: II и III. И анализа секвенци CP и NABP гена изолата GarV-C из белог лука из Србије указала је

на постојање одређеног степена генетичког диверзитета и груписање изолата у три групе: I, II и IV, од којих је група II била само са изолатима из Србије. Молекуларна карактеризација изолата GarV-D из белог лука из Србије на основу секвенци CP и NABP гена указала је на најмањи степен генетичког диверзитета и груписање изолата овог вируса из Србије у једну групу, групу IV.

Дискусија. Добијени резултати дискутовани су у оквиру шест потпоглавља уз концизна тумачења. У потпоглављу *Симптоми и учесталост обољења у пољу* истакнуто је да се на основу симптома није могла уочити повезаност између типа симптома и вируса проузроковача. На основу симптома на луковима могуће је само донети закључак да се ради о вирусној инфекцији, не и о томе који вирус је проузроковач, осим у случају инфекције семенског усева црног лука, када се на стаблу појављују карактеристични симптоми који се сматрају дијагностичким симптомом за IYSV. Такође, продискутоване су разлике у учесталости биљака са симптомима по годинама истраживања. Просечна вредност учесталости обољења се мењала од године до године, и кретала се од 10-15% (2010. године) до 90% (2014. године). Овакве разлике у појединим годинама истраживања нису неуобичајене, с обзиром на разлике у начину гајења појединих врста лукова, али и разлике у епидемиологији најзначајнијих врста лукова, првенствено разлике у начинима преношења и одржавања. Такође, разлике у погледу заступљености вируса су и последица различитих метеоролошко-климатолошких услова који су карактерисали поједине године испитивања, а који су значајно утицали на презимљујуће популације вектора и домаћина у којима се вируси одржавају. У другом потпоглављу *Примјена DAS-ELISA теста у идентификацији вируса лукова у Србији* објашњени су појава и распрострањеност вируса лукова у односу на раније спроведена испитивања код нас и у свету. Резултати седмогодишњег праћења вируса лукова у Србији, потврдила су присуство OYDV, LYSV, GarCLV, TSWV и IYSV у појединачним или мешаним инфекцијама, а заступљеност вируса је варијала по годинама и локалитетима. Најзаступљенији вируси у овим испитивањима били су OYDV и GarCLV који су доказани у великом броју узорак обухваћених испитивањима, а најчешће детектовани тип заразе била је појединачна зараза. У потпоглављу *Распрострањеност вируса лукова у Србији* истакнуто је да су најраспрострањенији вируси у усевима лукова у Србији били GarCLV и OYDV. Присуство GarCLV је доказано у 37%, а OYDV у 33% прегледаних локалитета. У потпоглављу *Молекуларне испитивања* дискутује се испитивање погодности одређених прајмера за успешну детекцију и идентификацију изолата 12 вируса лукова пореклом из Србије, али и могућност примене multiplex RT-PCR метода за симултану детекцију више вируса лукова, чиме су унапређене методе детекције и идентификације вируса лукова, као и дијагноза обољења. Осим тога у оквиру овог поглавља продискутовани су и резултати генетичког диверзитета три најзаступљенија и најраспрострањенија вируса, OYDV, GarCLV и LYSV, као и SLV и врста рода *Allexivirus*, као нових вируса за нашу земљу. Филогенетска анализа одабраних изолата OYDV на основу секвенци CP гена указала је на разноврсност популације овог вируса код нас и груписање изолата у оквиру четири подгрупе: I, VI, VII и VIII. Такође, висок диверзитет секвенци дела NIb и CP гена утврђен је и за изолате LYSV који су се на основу филогенетских анализа сврстали у оквиру три групе: B, D и E. На основу филогенетских анализа секвенци дела CP гена изолати GarCLV сврстали су се у оквиру једне групе (група I), уз издвајање изолата из празилука у односу на изолате из белог лука. На основу филогенетских анализа секвенци дела CP и NABP гена изолати GarV-A сврстали су се у оквиру три групе: I, III и IV, изолати GarV-B у оквиру две групе: I и III, изолати GarV-C у оквиру три групе: I, II и IV, док су изолати GarV-D показали најмањи степен дивергентности и груписали су се у оквиру једне групе (групе IV). Груписање изолата

врста рода *Allexivirus* указује на више интродукција ових вируса у Србију и на интензиван проток гена вируса како између удаљених делова света, тако и унутар саме државе.

Закључак. Закључци су правилно изведени и у потпуности произилазе из добијених резултата. Испитивањима вирусних обољења лукова установљено је стално присуство и висок интензитет заразе у усевима лукова у Србији. Прегледом усева у различитим локалитетима гајења забележена је појава разноврсних симптома од промена општег изгледа биљака, преко хроматских и морфолошких промена лишћа, до промена у обојености и смањеног приноса главица. Серолошким анализама укупно 374 узорак сакупљених на 111 локалитета гајења у Србији утврђено је присуство пет вируса: OYDV, LYSV, GarCLV, IYSV и TSWV, како у појединачним тако и у мешаним инфекцијама. Појава и заступљеност детектованих вируса лукова варирали су од године до године и мењали су се у зависности од године испитивања, али и локалитета гајења и врсте лука. Само је присуство OYDV и GarCLV доказано у свим годинама испитивања, док је присуство LYSV доказано у пет година, TSWV у три, а IYSV у две године испитивања. Укупно посматрано, најзаступљенији вирус у усевима различитих врста лукова био је OYDV, док је најраспрострањенији био GarCLV. Присуство свих серолошки детектованих вируса потврђено је и применом RT-PCR методе уз коришћење одговарајућих прајмера чиме је унапређена детекција вируса лукова у нашој земљи. Осим тога, применом молекуларних метода први пут су детектовани SLV на белом луку и аљми, као и вируси рода *Allexivirus* у усеви белог лука. Од шест врста рода *Allexivirus*: GarV-A, GarV-B, GarV-C, GarV-D, GarV-E и GarV-X, најчешће је детектоване GarV-B доказан у 80% тестираних узорака. Анализом секвенци CP гена изолата OYDV и одређивањем стопе генетичког диверзитета између испитиваних изолата утврђена је хетерогеност популације, односно висока варијабилност у оквиру популације овог вируса пореклом са различитих врста лукова у Србији. На основу филогенетских анализа испитивани изолати су се груписали у четири подгрупе, што указује на више интродукција овог вируса у Србију, затим да је овај вирус одавно присутан у нашој земљи и да на обликовање популације овог вируса утиче интензиван проток гена, како из различитих делова света, тако и међу различитим *Allium* врстама. Такође, велика варијабилност утврђена је и за изолате LYSV који су се на основу филогенетских анализа секвенци дела N1b и CP гена сврстали у оквиру три групе: B, D и E што указује на вишеструке интродукције и овог вируса у нашу земљу. Филогенетска анализа секвенци дела CP гена изолата GarCLV показала је груписање изолата овог вируса у оквиру једне групе (група I), што указује на заједничко порекло изолата из Србије, осим изолата из празилука, чије груписање може да укаже на засебну интродукцију или утицај биљке домаћина. Висок степен диверзитета секвенци CP и NABP гена утврђен је и за изолате GarV-A и GarV-C, као и за изолате GarV-B који су се у филогенетском стаблу груписали у три односно две одвојене групе. Најмањи степен генетичког диверзитета установљен је код изолата GarV-D. Филогенетске анализе, на основу секвенци CP и NABP гена, показале су груписање изолата у четири групе, а изолати GarV-D из Србије су се груписали групу IV. Резултати молекуларне карактеризације вируса лука у Србији указују на велики утицај међународне трговине садним и меркантилним материјалом на ширење ових вируса.

Литература. У дисертацији је наведено 246 референци, од чега 33 домаћих и 213 страних аутора. Избор референци је актуелан, одговара проучаваној проблематици, а цитиране су на умешан и правилан начин.

3. ЗАКЉУЧАК И ПРЕДЛОГ

Докторска дисертације Ивана Вучуровића, дипл. инж., под насловом: „Диверзитет врста и молекуларна карактеризација превалентних вируса инфективних за врсте рода

Allium у Србији“ представља оригинални научни рад са фундаменталним и практичним значајем. Дисертација представља успешно спроведен самостални експериментално-истраживачки научни рад кандидата, који је потпуности реализован у складу са планом и програмом предвиђеним пријавом дисертације. Добијени резултати о вирусним обољењима лукова у Србији представљају значајан допринос науци и струци, како са становишта истраживања тако и са становишта унапређења производње лукова у Србији. Допринос ове дисертације се огледа у утврђивању диверзитета и распрострањености вируса лукова у нашој земљи, али и у томе што доноси нова сазнања о генетичкој структури природне популације најзаступљенијих вируса инфективних за врсте рода *Allium*. Осим тога, ова истраживања су резултирала и налазом нових врста вируса на луковима у нашој земљи, као и нових домаћина постојећих врста. Допринос ове докторске дисертације се огледа и у унапређивању молекуларне детекције и идентификације вируса инфективних за лукове, чиме је омогућена брза дијагностика обољења. Са практичног становишта, подаци о заступљености и распрострањености вируса лукова у нашој земљи, могу послужити као основ за развој и примену адекватних мера контроле у производњи.

Имајући у виду све изнето, Комисија позитивно оцењује докторску дисертацију кандидата Ивана Вучуровића, маг. инж. под насловом: „Диверзитет врста и молекуларна карактеризација превалентних вируса инфективних за врсте рода *Allium* у Србији“ и предлаже Наставно-научном већу Пољопривредног факултета, Универзитета у Београду, да ову позитивну оцену прихвати и тиме омогући кандидату да пред истом Комисијом јавно брани докторску дисертацију.

Београд, 02.07.2019.

Чланови Комисије:

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

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

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

др Драгана Милошевић, научни сарадник
Институт за ратарство и повртарство, Нови Сад
(ужа научна дисциплина: Фитопатологија)

др Ђорђе Моравчевић, ванредни професор
Универзитет у Београду-Пољопривредни факултет
(ужа научна област: Повртарство)

Прилог:

Рад кандидата Ивана Вучуровића, маг. инж., објављен у научном часопису са SCI листе:

1. Ristić, D., **Vučurović, I.**, Kuzmanović, S., Pfaf-Dolovac, E., Aleksić, G., Vučurović, A., Starović, M. (2019): The Incidence and Genetic Diversity of Potato virus S in Serbian Seed Potato Crops. *Potato Research* 62: 31-46. (ISSN 0014-3065, KoBSON, *Agronomy*, 57/89, 2018, **IF=0,863**)

**НАСТАВНО - НАУЧНОМ ВЕЋУ
ПОЉОПРИВРЕДНОГ ФАКУЛТЕТА
УНИВЕРЗИТЕТА У БЕОГРАДУ**

Датум: 01.07.2019. године

Након прегледа извештаја о провери оригиналности, достављеног од стране Универзитетске библиотеке, а на основу Правилника о поступку провере оригиналности докторских дисертација које се бране на Универзитету у Београду, који се примењује од 1.10.2018. године, ментор докторске дисертације кандидата Ивана Вучуровића, маг. инж., под насловом: „**Диверзитет врста и молекуларна карактеризација превалентних вируса инфективних за врсте рода *Allium* у Србији**“, доноси следећу

О Ц Е Н У

Извештај Универзитетске библиотеке о провери оригиналности докторске дисертације под насловом: „**Диверзитет врста и молекуларна карактеризација превалентних вируса инфективних за врсте рода *Allium* у Србији**“, кандидата Ивана Вучуровића, маг. инж., указује да је поменута дисертација оригинални научни рад кандидата, те да се, у складу с тим, прописани поступак за њену одбрану може наставити.

Ментор

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