

НАУЧНОМ ВЕЋУ

ИНСТИТУТА ЗА РАТАРСТВО И ПОВРТАРСТВО – ИНСТИТУТ ОД НАЦИОНАЛНОГ ЗНАЧАЈА ЗА РЕПУБЛИКУ СРБИЈУ

У складу са чланом 78. став 4. Закона о науци и истраживањима (Службени гласник Републике Србије“, број 49 од 8. јула 2019. године), Научно веће Института за ратарство и повртарство из Новог Сада, на седници Научног већа одржаној 21.02.2024. године, донело је одлуку, број 09-76/121-1, о покретању поступка за избор др **Мирјана Вукосављевић** запослене у Институту Биосенс, у звању научни сарадник за научну област биотехничке науке, грана пољопривреда, научна дисциплина ратарство и повртарство и ужа научна дисциплина генетика и оплемењивање. За подношење извештаја о кандидату Научно веће је формирало Комисију у саставу:

1. **Академик МИАНУ, проф. др Вера Поповић**, Научни саветник, НО: биотехничке науке, Институт за ратарство и повртарство, Институт од националног значаја за Републику Србију, Нови Сад, председник Комисије
2. **Др Наташа Љубичић**, Виши научни сарадник, НО: биотехничке науке, Биосенс Институт, Нови Сад, члан
3. **Др Велимир Лончаревић**, Научни сарадник, НО: биотехничке науке, Институт за ратарство и повртарство, Институт од националног значаја за Републику Србију, Нови Сад, члан

На основу увида у документацију, оцене досадашње делатности и научног рада кандидата др Мирјане Вукосављевић, Научном већу Института за ратарство и повртарство из Новог Сада, Комисија подноси

ИЗВЕШТАЈ

о научном доприносу за избор у звање научни сарадник кандидата др **Мирјане Вукосављевић**, запослене на Институту Биосенс у Новом Саду, за научну област биотехничке науке.

БИОГРАФИЈА КАНДИДАТА

.....

1. **Име, име једног родитеља, презиме:** Мирјана, Братислав, Вукосављевић
2. **Датум и место рођења, општина, република:** 01.03.1982. Панчево, Република Србија
3. **Научна област из које је стечено научно звање:** Биотехничке науке
4. **Образовање:**
Основне студије:

2000 – 2005. године, Основне академске студије, Дипломирани биолог, Природно-математички факултет, Департман за биологију и екологију, Универзитет у Новом Саду, просек: 8,86.

Наслов дипломског рада: „Далтонизам и осећај за горко (ПТЦ) код становништва општина Ковачица и Опово“.

Мастер студије:

2005 – 2009. године, Мастер академске студије, Дипломирани инжењер пољопривреде - мастер, Пољопривредни факултет, Универзитет у Новом Саду, просек: 9,67.

Наслов мастер рада: „Регенерација зелених биљака културом антера“.

Докторске студије:

2009 – 2014. године, Докторске студије, Доктор биотехничких наука, Универзитет у Вагенингену, Департман за Оплењења биљака

Наслов докторске дисертације: „У сусрет примени маркер-асистираног оплењења баштенских ружа: од развоја маркера до детекције QTL-ова” („Towards marker-assisted breeding in garden roses: from marker development to QTL detection”).

5. Радна биографија:

Др Мирјана Вукосављевић је испољила значајну активност у научно-истраживачком раду. Учествовала је на више стручних и научних усавања и пројеката. Аутор је и коаутор више радова који су публиковани у међународним и домаћим часописима. У свом досадашњем научноистраживачком раду, поред докторске дисертације кандидаткиња је објавила укупно 27 референци које имају разноврстан и мултидисциплинарни карактер. Укупно је објавила 9 референци из категорије М20, затим 6 референци из категорије М30, 1 референцу из категорије М40, 10 референци из категорије М50, 1 референцу из категорије М60 и једну референцу из категорије М70. Од укупно 25 референци из категорија М20, М30, М50 и М60 на 8 референци је први аутор и аутор за комуникацију.

Била је стипендиста Министарства просвете, науке и технолошког развоја. Током мастер студија била је ангажована на Катедри за генетику и оплењења биљака као сарадник у настави за држање вежби из предмета Генетика за студенте биолошких смерова Пољопривредног факултета у Новом Саду.

Кандидаткиња је остварила одличну сарадњу са колегама и студентима Пољопривредног факултета Универзитета у Новом Саду, као и истраживачима из домаћих научних и стручних институција. У научном и стручном раду служи се енглеским језиком. Служи се компјутером. Поседује возачку дозволу Б категорије.

ПРЕГЛЕД НАУЧНОГ И СТРУЧНОГ РАДА

Радови објављени у научним часописима међународног значаја (М20)

Радови у врхунским међународним часописима М21:

1. Božanić Tanjga, B., Ljubojević, M., Đukić, A., **Vukosavljević, M.**, Ilić, O., Narandžić, T. (2023): Selection of Garden Roses to Improve the Ecosystem Services They Provide. Horticulturae 8, 883.

M21=8 бодова

2. **Vukosavljević, M.**, Arens, P., Voorrips, R.E., van 't Westende, W.P.C., Esselink, G.E., Bourke, P.M., Cox, P., van de Weg, W.E., Visser, R.G.F., Maliepaard, C., Smulders, M.J.M. (2016): High-

density SNP-based genetic maps for the parents of an outcrossed and a selfed tetraploid garden rose cross, inferred from admixed progeny using the 68k rose SNP array: Horticulture Research 3, 16052.

$M21=8/(1+0,2*(11-7))=4.44$ бода

3. Koning-Boucoiran, C.F.S., Esselink, D., **Vukosavljev, M.**, van 't Westende, W.P.C., Gitonga, V.W., Krens, F.A., Voorrips, R.E., van de Weg, W.E., Schulz, D., Debener, T., Maliepaard, C., Arens, P., Smulders, M.J.M. (2015): Using RNA-Seq to assemble a rose transcriptome with more than 13,000 full-length expressed genes and to develop the WagRhSNP 68k Axiom SNP array for rose (*Rosa L.*). *Frontiers in Plant Science*, 21, 6:249, doi: 10.3389/fpls.2015.00249.

$M21=8/(1+0,2*(13-7))=3.63$ бодова

4. **Vukosavljev, M.**, Esselink, G.D., van 't Westende, W.P.C., Cox, P., Visser, R.G.F., Arens, P., Smulders, M.J.M. (2015): Efficient development of highly polymorphic microsatellite markers based on polymorphic repeats in transcriptome sequences of multiple individuals. *Molecular Ecology Resources*, 15, 17-27. doi: 10.1111/1755-0998.12289.

$M21=8$ бодова

5. **Vukosavljev, M.**, Zhang, J., Esselink, G.D., van 't Westende, W.P.C., Cox, P., Visser, R.G.F., Arens, P., Smulders, M.J.M. (2013): Genetic diversity and differentiation in roses: A garden rose perspective. *Scientia Horticulturae* 162:320–332.

$M21=8/(1+0,2*(8-7))=6.66$ бода

Радови објављени у међународним научним часописима M23:

6. Boćanski, J., Nastasić, A., Stanisavljević, D., Srećkov, Z., Mitrović, B., Treskić, S., **Vukosavljev, M.** (2011): Biplot analysis of diallel crosses of NS maize inbred lines. *Genetika* 43 (2): 277-284.

$M23=3$ бода

7. Kondić-Špika, A., **Vukosavljev, M.**, Kobiljski, B., Hristov, N. (2011): Relationship among androgenetic components in wheat and their responses to the environment. *Journal of Biological Research* 16: 217-223.

$M23=3$ бода

8. Srećkov, Z., Nastasić, A., Boćanski, J., Đalović, I., **Vukosavljev, M.**, Jocković, B. (2011): Correlation and path analysis of grain yield and morphological traits in test-cross population of maize. *Pakistan Journal of Botany* 43(3): 1729-1731.

$M23=3$ бода

Рад у часопису међународног значаја верификованог посебном одлуком M24:

9. Boćanski, J., Srećkov, Z., Nastasić, A., Ivanović, M., Đalović, I., **Vukosavljev, M.** (2010): Mode of inheritance and combining abilities for kernel row number, kernel number per row and grain yield in maize (*Zea mays* L.). *Genetika* 42(1): 169-176.

M24=3 бода

Зборници међународних научних скупова (M30)

Саопштење са међународног скупа штампано у целини M33:

10. **Vukosavljev, M.**, Stranjanac, I., van Dongen, B.W.P., Voorrips, R.E., Mirić, M., Božanić Tanjga, B., Arens, P., Smulders, M.J.M. (2022): A novel source of food – garden rose petals. *ISHS Acta Horticulturae* 1362: XXXI International Horticultural Congress (IHC2022): International Symposium on Breeding and Effective Use of Biotechnology and Molecular Tools in Horticultural Crops.

M33=1/(1+0,2*(8-7))=0,83 бода

11. **Vukosavljev, M.**, Di Guardo, M., van de Weg, W.E., Arens, P., Smulders, M.J.M. (2012): Quantification of Allele Dosage in Tetraploid Roses. *ScienceMED*, vol. 3(3): 277-282.

M33=1 бод

Радови саопштени на скуповима међународног значаја штампани у изводу M34:

12. Ljubičić, N., Petrović, S., Dimitrijević, M., Hristov, N., **Vukosavljev, M.**, Srećkov, Z. (2014): Diallel Analysis for Spike Length in Winter Wheat. *Book of Abstracts*, 8-11 September, Edirne, Turkey, 2, 1455-1459.

M34=0,5 бодова

13. Srećkov, Z., Boćanski, J., Nastasić, A., Đalović, I., **Vukosavljev, M.** (2010): Correlation and path coefficient analysis of morphological traits of maize (*Zea mays* L.). *Book of Abstracts*, International Symposium „Trends in the European Agriculture Development“, 20-21 May, Timisoara, Romania.

M34=0,5 бодова

14. Dimitrijević, M., Petrović, S., Belić, M., Vuković, N., **Vukosavljev, M.** (2007): AMMI analyzed genotype by environment interaction in bread wheat. *Zbornik na trudovi od III Kongres na ekoložite od Makedonija* 273-276.

M34=0,5 бодова

15. Petrović, S., Dimitrijević, M., Belić, M., Vuković, N., **Vukosavljev, M.** (2007): Multivariate interaction analysis of bread wheat grown in halomorphic soil. *Zbornik na trudovi od III Kongres na ekoložite od Makedonija* 273-276.

M34=0,5 бодова

Монографије националног значаја (M40)

Монографска библиографска публикација или монографска студија M43:

16. Vukosavljev, M. (2010): Kultuta antera pšenice. Monografija, Biblioteka Initium, Zadužbina Andrejević, Beograd.

M43=3 бода

Водећи часописи националног значаја (M50)

Рад у водећем часопису националног значаја M51:

17. Smulders, M.J.M., Voorrips, R.E., Esselink, F.D., Santos Leonardo, T.M., van 't Westende, W.P.C., Vukosavljev, M., Koning-Boucoiran, C.F.S., van de Weg, W.E., Arens, P., Schulz, D., Debener, T., Bellon, L., Mittmann, M., Pirani, A., Webster, T., Brew, F., Cox, P., Maliepaard, P. (2013): Development of the WagRhSNP Axiom SNP array based on sequences from tetraploid cut roses and garden roses. Acta Hort. 1064: 177-184.

M51= $2/(1+0,2*(18-7))=0,62$ бода

18. Smulders, M.J.M., Vukosavljev, M., Shahin, A., van de Weg, W.A., Arens, P. (2011): High Throughput Marker Development and Application in Horticultural Crops. Proc. 7th IS on In Vitro Culture and Horticultural Breeding. Ed.: D. Geelen. Acta Hort. 961: 547-552, ISHS 2012.

M51= 2 бода

19. Dimitrijević, M., Petrović, S., Belić, M., Banjac, B., Vukosavljev, M., Hristov, N. (2011): The influence of solonetz soil limited growth conditions on bread wheat. Journal of Agricultural Science and Technology (USA- David publishing), 5 (2) ser. 33,194-201.

M51= 2 бода

20. Ljubičić, N., Petrović, S., Dimitrijević, M., Sekulić, P., Mladenov, N., Belić, M., Vukosavljev, M. (2010) Kernel number per spike stability of wheat genotypes grown on meliorated soil (solonetz)*. Contemporary Agriculture 59(3-4): 332-338.

M51= 2 бода

21. Srećkov, Z., Boćanski, J., Nastasić, A., Đalović, I., Vukosavljev, M. (2010): Correlation and path coefficient analysis of morphological traits of maize (*Zea mays* L.). Research journal of agricultural Science 42(2):292-296.

M51= 2 бода

22. Vukosavljev, M., Petrović, S., Dimitrijević, M., Srećkov, Z. (2010): Biotechnology and bioengineering under the loop: Creativity or danger. Research Journal of Agricultural Science, 42(2): 292-296.

M51= 2 бода

23. Petrović, S., Dimitrijević, M., Belić, M., Banjac, B., Vukosavljev, M. (2009): Spike Stability Parameters In Wheat Grown On Solonetz Soil. Genetika 41(2):199-205.

M51= 2 бода

24. Dimitrijević, M., Petrović, S., Mladenov, N., Belić, M., Hristov, N., Banjac, B., **Vukosavljev, M.** (2009): Phenotypic Reaction Of Wheat Grown On Different Soil Type. Genetika 41(2): 169-177.

M51= 2 бода

Часописи националног значаја M52:

25. **Vukosavljev, M.**, Dimitrijević, M., Petrović, S., Marjanović-Jeromela, A., Vuković N. (2008): Međuzavisnost visine biljke i broja bočnih grana uljana repice (*Brassica napus L.*): Letopis naučnih radova Poljoprivrednog fakulteta, 32: 75-80.

M52= 1,5 бодова

26. Vuković, N., Petrović, S., Dimitrijević, M., Belić, M., **Vukosavljev, M.** (2008): Fenotipska varijabilnost broja zrna po klasu pšenice na meliorisanom solonjecu. Letopis naučnih radova Poljoprivrednog fakulteta, 32: 64-69.

M51= 1,5 бодова

Предавања по позиву на скуповима националног значаја (M60)

Саопштење на скупу националног значаја штампано у изводу M64:

27. Kraljević-Balalić, M., Gorjanović, B., Panković, L., Kereši, S., **Vukosavljev, M.**, Vuković, N. (2006): Effect of nitrogen on nitrate concentration in vegetative parts of wheat. Društvo geneticara Srbije, Book of abstracts of the Third Symposium of the Section of the Breeding of Organisms of the Society of Geneticist, Zlatibor (Serbia and Montenegro), 16-20 May 2006.- p. 39".

M64= 0,2 бода

Магистарске и докторске тезе (M70)

Одбрањена докторска дисертација M70:

28. **Vukosavljev, M.** (2014) У сусрет примени маркер-асистираног оплемењивања баштенских ружа: од развоја маркера до детекције QTL-ова (Towards marker-assisted breeding in garden roses: from marker development to QTL detection). Докторска дисертација, Универзитет у Вагенингену, Холандија.

M70= 6 бодова

Сумарни преглед вредности индикатора научне компетентности

Ознака групе	Вредност коефицијента М	Број резултата до покретања поступка за избор у звање Научни сарадник	Вредност резултата до покретања поступка за избор у звање Научни сарадник
М-21	8,0	5	30,73
М-23	3,0	3	9,0
М-24	3,0	1	3,0

М-33	1,0	2	1,83
М-34	0,5	4	2,0
М-43	3,0	1	3,0
М-51	2,0	8	14,62
М-52	1,5	2	3,0
М-64	0,2	1	0,2
М-70	6,0	1	6,0
Укупно		28	73,38

Укупне вредности коефицијената М који је остварила др **Мирјана Вукосављевић** за избор у звање НАУЧНИ САРАДНИК (НС)

Категорије		Потребно за звање НС	Остварено за звање НС
Научни сарадник	Укупно	16	73,38
Обавезни (1)	M10+M20+M31+M32+M33+M41+M42+M51+M80+M90+M100	9,0	56,88
Обавезни* (2)	M21+M22+M23	5,0	39,73

АНАЛИЗА РАДОВА КОЈИ КАНДИДАТА КВАЛИФИКУЈУ У ПРЕДЛОЖЕНО НАУЧНО ЗВАЊЕ

На основу прегледане доступне библиографије кандидат др Мирјана Вукосављевић је остварила укупно **73,38** поена, што је више у односу на 16,0 поена, који су неопходни за избор у звање научни сарадник. Научни резултати кандидата су настали као резултат теренских и лабораторијских истраживања. Најзначајнија истраживања су била усмерена на развој алата (молекуларних маркера и статистичких модела) за примену маркер-асистираних селекција код тетраплоидних баштенских ружа. Истраживања су резултирала развојем брзе стратегије за идентификацију полиморфних ССР маркера, основне методе/концепте за генетске анализе полиплоида (квантификација дозе ССР алела, генерисање густих генетичких мапа, детекција QTL-ова) и знања о законитостима наслеђивања важних особина ружа. Сви ови аспекти представљају солидну основу за примену маркер-асистираних селекција ружа.

Према бази Scopus укупна цитираност објављених радова кандидата др Мирјане Вукосављевић у референтним међународним часописима износи 159, од којих је 129 хетероцитата. Према истој индексној бази Хиршов индекс кандидата износи 6. Према бази података претраживача Google Scholar, радови кандидата су цитирани 102 пут, Хиршов индекс кандидата износи 12. Према бази Research Gate, радови кандидата су цитирани 419 пута, Хиршов индекс кандидата износи 11.

Радови др Мирјане Вукосављевић су експериментални радови у области биотехничких наука, у којој научној области генетика и оплемењивање биљака.

Докторска дисертација

Vukosavljević, M. (2014): У сусрет примени маркер-асистираних оплемењивања баштенских ружа: од развоја маркера до детекције QTL-ова (Towards marker-assisted breeding in garden roses: from marker development to QTL detection), Универзитет у Вагенингену, Холандија.

Датум одбране: 21.11.2014.

У докторској дисертацији кандидат се бави проучавањем механизма отпорности на ниске температуре код баштенских ружа и развојем методологије и маркера за примену маркер-асистираних селекција. Први корак у разумевању структуре генофонда баштенских ружа била је процена сродности комерцијалних сорти. По први пут је оцењен генетски диверзитет модерних сорти баштенских ружа применом сета од 24 ССР маркера на 138 комерцијалних сорти. Резултати су указали да је генетска разноликост баштенских ружа широка и да руже за резан цвет представљају подгрупу баштенских ружа. Анализа педигреа је указала на јасну интродукцију алела за отпорност на ниске температуре од дивљих сродника.

Да би се маркер-асистираних селекција уопште применила неопходно је да постоје сетови полиморфних маркера. У тези је описан метод за ефикасан развој високо полиморфних ССР маркера. Генетске анализе полиплоида су сложене јер је исти локус присутан на више хомологих хромозома. ССР маркери су погодни за мапирање у сегрегационим популацијама полиплоида јер су мултиалелни. Обзиром на полиплоидну природу ружа, квантификација дозе ССР маркера повећава информативност података и до 25%. У тези је детаљно описани поступак за квантификацију дозе алела и његови бенефити: генерисање више података и прецизније мапирање маркера, укључујући и маркере са "null" алелима.

Сви ови резултати омогућили су генерисање генетске мапе високе густине користећи ССР и СНП маркере као и детектовање QTL-ова за отпорност на ниску температуру. Као крајњи исход, предложено је сет маркера који омогућавају разликовати осетљивих од отпорних сорти у раној фази.

Приказ и оцена пет најзначајнијих научних остварења кандидата

1. Vukosavljević, M., Arens, P., Voorrips, R.E., van 't Westende, W.P.C., Esselink, G.E., Bourke, P.M., Cox, P., van de Weg, W.E., Visser, R.G.F., Maliepaard, C., Smulders, M.J.M. (2016): High-density SNP-based genetic maps for the parents of an outcrossed and a selfed tetraploid garden rose cross, inferred from admixed progeny using the 68k rose SNP array: Horticulture Research 3, 16052.

(M21; Horticulture Research 3, 16052; IF: 4.28)

Кратак опис садржаја: У раду је проучаван и развијан метод за квантификацију дозе алела и мапирање код тетраплоидних врста. Генетичке мапе на којима је мапиран велики број маркера су основа за QTL анализу важних особина и будућу примену маркер-асистираних селекција. Код тетраплоидних ружа, постојеће мапе су мапирале око 300 маркера који покривају 28 linkage група (4 хомологна сета по 7 хромозома). Циљ студије је био да се

помоћу 68к WafRhSNP Axiom за руже, развије метод за квантификацију дозе алела и да се изради генетичка мапа потомака укрштања сорти баштенских ружа 'Red New Dawn' и 'Morden Centennial'. Анализа профила маркера је показала да потомство није настало из укрштања наведена два родитеља, већ да је дошло до контаминације полена. Развијена је стратегија раздвајања потомства у претпостављене популације, чак и када је генотип једног родитеља непознат. Као резултат студије генерисана је најгушћа генетичка мапа, која је мапирала 1929 SNP маркера, покривајући 1765,5 cM. Просечно растојање између маркера је износило 0,9 cM. У циљу провере конзервативности генома представника фамилије Росоцеае, генетичка мапа за руже је поређена са секвенцом, генома блиског сродника јагоде (*Fragaria vesca*). Хромозом 1 (ICM1) ружа је одговарао псеудохромозому јагоде 7 (Fv7), ICM4 је одговарао Fv4, ICM5 је одговарао Fv3, ICM6 је одговарао Fv2 и ICM7 одговарао Fv5. Хромозом 2 ружа, ICM2, је одговарала деловима псеудохромозома 1 и 6 јагоде, док је ICM3 одговарао Fv6.

2. Koning-Boucoiran, C.F.S., Esselink, D., Vukosavljev, M., van 't Westende, W.P.C., Gitonga, V.W., Krens, F.A., Voorrips, R.E., van de Weg, W.E., Schulz, D., Debener, T., Maliepaard, C., Arens, P., Smulders, M.J.M. (2015): Using RNA-Seq to assemble a rose transcriptome with more than 13,000 full-length expressed genes and to develop the WagRhSNP 68k Axiom SNP array for rose (*Rosa L.*). *Frontiers in Plant Science*, 21, 6:249, doi: 10.3389/fpls.2015.00249.

(M21; *Frontiers in Plant Science*, 21, 6:249; IF 4.495)

Кратак опис садржаја: Ова студија је фокусирана на развој полиморфног сета SNP маркера. У циљу развијања свеобухватног сета SNP маркера за руже, EST из различитих скупова гермплазме руже су укључени. За ову сврху је генерисана RNA-Sek библиотека, које садржи око 700 милиона секвенци, укључујући тетраплоиде баштенске и руже за резан цвет коришћењем Illumina секвенцирања и од диплоидне Росо мултифлоре коришћењем 454 секвенцирања. Засебан *de novo* склопови су креирани да би се идентификовали полиморфизми појединачних нуклеотида (SNP) унутар и између сорти ружа. Одабрани су SNP-ови међу тетраплоидним ружама за конструисање генотипског низа који се може користити за генетско мапирање и откривање асоцијације маркера и особина у програмима оплемењивања заснованим на тетраплоидној гермплазми, укључујући баштенске и руже за резан. Коначни сет укључује 68.893 SNP маркера назван WagRhSNP axiom.

3. Vukosavljev, M., Esselink, G.D., van 't Westende, W.P.C., Cox, P., Visser, R.G.F., Arens, P., Smulders, M.J.M. (2015): Efficient development of highly polymorphic microsatellite markers based on polymorphic repeats in transcriptome sequences of multiple individuals. *Molecular Ecology Resources*, 15, 17-27. doi: 10.1111/1755-0998.12289.

(M21; *Molecular Ecology Resources*; IF 5.298)

Кратак опис садржаја: У студији је описан нов приступ развоју стратегије за детекцију и тестирање SSR маркера. Прва препрека у развоју микросателитских SSR маркера, клонирање, превазиђена је развојем технологије next generation sequencing. Друга препрека је тестирање и разликовање полиморфних од неполоморфних локуса. Трећа препрека, донекле скривена, јесте да су само полиморфни маркери са великим ефективним бројем алела довољно информативни да се могу применити у више студија. Оба корака су временски захтевна и још увек се изводе мануелно. У студији је развијена смо стратегију за брз и ефикасан развој SSR маркера. Стратегија се састоји из неколико сукцесивних корака-првобитно се одабере више генотипова која показују највише варијанти дужине, а само оне

се касније развијају у маркере. Ефикасност стратегије је потврђена на случају тетраплоидне баштенске руже користећи секвенце transkriptoma Illumina од 11 ружа. Од 48 тестираних, два маркера нису успела да се репликују, али сви остали су били полиморфни. Десет локуса је репликовало више од једног локуса, што указује на дуплициране гене или породице гена. Потпуно избегавање дуплираних локуса је тешко јер се распон броја предвиђених алела високо полиморфних сингле- и мутилокуса маркера у великој мери преклапа. Од остатка, половина су били реплицирани маркери (тј. вишеструки парови прајмера за један локус), што указује на потешкоћу исправног филтрирања кратких ридова која садрже понављајуће секвенце. Сам приступ је унапређен елиминацијом сетова прајмера на истим локусима. Преосталих 18 маркера су сви били високо полиморфни, репликујући у просеку 11,7 алела по маркеру (опсег = 6–20) у 11 тетраплоидних ружа, премашујући 8,2 алела по маркеру од 24 најполиморфнијих маркера из претходних експеримената. Ова стратегија стога представља велики искорак у развоју високо полиморфних микросателитних маркера.

4. Vukosavljev, M., Zhang, J., Esselinka, G.D., van 't Westende, W.P.C., Cox, P., Visser, R.G.F., Arens, P., Smulders, M.J.M. (2013): Genetic diversity and differentiation in roses: A garden rose perspective. *Scientia Horticulturae* 162:320–332. (M21; *Scientia Horticulturae* 162:320–332; IF: 1.827)

Кратак опис садржаја: У раду је по први пут проучаван генетички диверзитет међу модерним сортама баштенских ружа коришћењем сета од 24 микросателитска маркера који покривају већину хромозома. Укупно је добијено 518 различитих алела у сету од 138 сорти ружа и то је довело до закључка да се по генетичком диверзитету руже за резан цвет могу сматрати подгрупом баштенских ружа. Генетичка диференцијација међу врстама баштенских ружа ($F_{st} = 0,022$) била је четири пута већа у односу на руже за резан цвет, а по величини сличан диференцијацији међу узгајивачима, због чињенице да се хортикултурне групе и одгајивачи у великој мери преклапају у класификацији. Сорте отпорне на ниске температуре (Свејдине, канадске руже из серије Explorer) показале су најмање сличности са европским ружама, а јасно је била видљива интрогресија гена дивљих врста за отпорност на ниске температуре. Руже оплемењивача Harknessa и Olesena деле сличан генски фонд. Поређење диференцијације међу групама ружа показало је да је група повезивања 5 потенцијално регион који садржи важне QTL-ове за отпорност на ниску температуру. Хромозом 6 садржи највећу количину генетског диверзитета, док је хромозом 2 највише диференцирана међу врстама баштенских ружа

5. Božanić Tanjga, B., Ljubojević, M., Đukić, A., Vukosavljev, M., Pić, O., Narandžić, T. (2023): Selection of Garden Roses to Improve the Ecosystem Services They Provide. *Horticulturae* 8, 883. (M21; *Horticulturae* 8, 883; IF: 2.923)

Кратак опис садржаја: У раду су испитиване могућности за додатну употребну вредност новоплемењених (у протеклој деценији) баштенских ружа из серије 'Mella' као украсне сорте, отпорне на болести и које привлаче пчеле, које би се препоручиле у урбаним екосистемима, додајући им вредност. Значај ружа у) хортикултури може се значајно допунити новим употребним вредностима ружа, модификовањем циљева оплемењивања од естетске ка нутритивној вредности. Циљеви истраживања били су утврђивање

морфолошких карактеристика; бројност медоносних и дивљих пчела и њена корелација са морфолошким и цветним карактеристикама руже; отпорност/толерантност на главне гљивичне болести ружа; и прикладност за гајење 'Mella' ружа у урбаном зеленилу које пружа вишеструке услуге екосистема. Биљни материјал обухвата седам сорти баштенских ружа из серије „Mella”. Анализе су укључивале комплетну морфолошко-квалитативну и квантитативну карактеризацију особина биљака и цвећа, бодовање панела мириса и анализе испарљивих компоненти, бројање медоносних пчела које посећују цвеће и бројање различитих врста дивљих пчела као потенцијалних опрашивача. На основу добијених резултата констатована је значајна варијабилност вегетативних и генеративних карактеристика биљака код испитиваних „Mella“ ружа. Својим „натуралистичким“ укупним изгледом, упоредивим са дивљим ружама, сорте „Mella“ су се разликовале по висини и хабитусу биљке, броју и врсти цветова, обојености и сјају листова, али су „Barbie Mella“ и „Ruby Mella“ позициониране као најдекоративније.

ЦИТИРАНОСТ ОБЈАВЉЕНИХ РАДОВА КАНДИДАТА

Према бази Scopus укупна цитираност објављених радова кандидата др Мирјане Вукосављевић у референтним међународним часописима износи 159, од којих је 129 хетероцитата. Према истој индексној бази Хиршов индекс кандидата износи 6. Цитираност радова кандидата – хетероцитати у публикацијама реферисаним у бази Scopus:

Vukosavljević, M., Stranjanac, I., van Dongen, B.W.P., Voorrips, R.E., Mirić, M., Božanić Tanjga, B., Arens, P., Smulders, M.J.M. (2022): A novel source of food – garden rose petals. *ISHS Acta Horticulturae* 1362: XXXI International Horticultural Congress (IHC2022): International Symposium on Breeding and Effective Use of Biotechnology and Molecular Tools in Horticultural Crops.

Цитиран у:

1. Simin, N., Lesjak, M., Živanović, N., Božanić Tanjga, B., Orčić, D., Ljubojević, M. (2023): Morphological Characters, Phytochemical Profile and Biological Activities of Novel Garden Roses Edible Cultivars. *Horticulturae*, 9 (10), art. no. 1082, DOI: 10.3390/horticulturae9101082.

Božanić Tanjga, B., Ljubojević, M., Đukić, A., Vukosavljević, M., Ilić, O., Narandžić, T. (2023): Selection of Garden Roses to Improve the Ecosystem Services They Provide. *Horticulturae* 8, 883.

Цитиран у:

1. Narandžić, T., Ružičić, S., Grubač, M., Pušić, M., Ostojić, J., Šarac, V., Ljubojević, M. (2023): Landscaping with Fruits: Citizens' Perceptions toward Urban Horticulture and Design of Urban Gardens. *Horticulturae*, 9 (10), art. no. 1152, DOI: 10.3390/horticulturae9101152.

2. Acimovic, M.G., Raicevic, V., Tanjga, B.B., Loncar, B., Šuput, D., Šovljanski, O., Tomic, A., Cvanic, T., Radovanovic, K., Kiproviski, B. (2023): Profiling of *Rosa hybrida* cv. Mileva essential oil, evaluation of its bioactivity in vitro, chemometric analysis and comparison to other non-commercial roses. *Journal of Essential Oil-Bearing Plants*, 26 (4), pp. 848-861. DOI: 10.1080/0972060X.2023.2258910

3. Ljubojević, M., Narandžić, T., Ostojić, J., Božanić Tanjga, B., Grubač, M., Kolarov, R., Greksa, A., Pušić, M. (2022): Rethinking Horticulture to Meet Sustainable Development Goals—The Case Study of Novi Sad, Serbia. *Horticulturae*, 8 (12), art. no. 1222, DOI: 10.3390/horticulturae8121222.

4. Palmersheim, M.C., Schürch, R., O'Rourke, M.E., Slezak, J., Couvillon, M.J. (2022): If You Grow It, They Will Come: Ornamental Plants Impact the Abundance and Diversity of Pollinators and Other Flower-Visiting Insects in Gardens. *Horticulturae*, 8 (11), art. no. 1068, DOI: 10.3390/horticulturae8111068.

Vukosavljev, M., Arens, P., Voorrips, R.E., van 't Westende, W.P.C., Esselink, G.E., Bourke, P.M., Cox, P., van de Weg, W.E., Visser, R.G.F., Maliepaard, C., Smulders, M.J.M. (2016): High-density SNP-based genetic maps for the parents of an outcrossed and a selfed tetraploid garden rose cross, inferred from admixed progeny using the 68k rose SNP array: *Horticulture Research* 3, 16052.

Цитиран у:

1. Cheng, B., Feng, C., Yu, C. (2023): Identification of major flower color QTLs in tetraploid roses. *Acta Horticulturae*, (1383), pp. 201-208, DOI: 10.17660/ActaHortic.2023.1383.24.

2. Ting, N.-C., Ordway, J.M., van de Weg, E., Mohamed Serdari, N., Low, E.T.L., Mustaffa, S., Wischmeyer, C., Smulders, M.J.M., Sambanthamurthi, R., Singh, R. (2023): Development and applications of the Oil Palm 78K Infinium® HD SNP Array for linkage analysis and chromosome scanning. *Scientia Horticulturae*, 318, art. no. 112104, DOI: 10.1016/j.scienta.2023.112104.

3. Wang, R., Xing, S., Bourke, P.M., Qi, X., Lin, M., Esselink, D., Arens, P., Voorrips, R.E., Visser, R.G.F., Sun, L., Zhong, Y., Gu, H., Li, Y., Li, S., Maliepaard, C., Fang, J. (2023): Development of a 135K SNP genotyping array for *Actinidia arguta* and its applications for genetic mapping and QTL analysis in kiwifruit. *Plant Biotechnology Journal*, 21 (2), pp. 369-380, DOI: 10.1111/pbi.13958.

4. Martina, M., Acquadro, A., Portis, E., Barchi, L., Lanteri, S. (2023): Diversity analyses in two ornamental and large-genome Ranunculaceae species based on a low-cost Klenow NGS-based protocol. *Frontiers in Plant Science*, 14, art. no. 1187205, DOI: 10.3389/fpls.2023.1187205.
5. Martina, M., Acquadro, A., Gulino, D., Brusco, F., Rabaglio, M., Portis, E., Lanteri, S. (2022): First genetic maps development and QTL mining in *Ranunculus asiaticus* L. through ddRADseq. *Frontiers in Plant Science*, 13, art. no. 1009206, DOI: 10.3389/fpls.2022.1009206.
6. Venkatesha, K.T., Gupta, A., Rai, A.N., Jambhulkar, S.J., Bisht, R., Padalia, R.C. (2022): Recent developments, challenges, and opportunities in genetic improvement of essential oil-bearing rose (*Rosa damascena*): A review *Industrial Crops and Products*, 184, art. no. 114984, DOI:10.1016/j.indcrop.2022.114984.
7. Farinati, S., Betto, A., Palumbo, F., Scariolo, F., Vannozzi, A., Barcaccia, G. (2022): The New Green Challenge in Urban Planning: The Right Genetics in the Right Place. *Horticulturae*, 8 (9), art. no. 761, DOI: 10.3390/horticulturae8090761.
8. Zhou, N., Simonneau, F., Thouroude, T., Oyant, L.H.-S., Foucher, F. (2021): Morphological studies of rose prickles provide new insights. *Horticulture Research*, 8 (1), art. no. 221, DOI: 10.1038/s41438-021-00689-7.
9. Fang, P., Arens, P., Liu, X., Zhang, X., Lakwani, D., Foucher, F., Clotault, J., Geike, J., Kaufmann, H., Debener, T., Bai, Y., Zhang, Z., Smulders, M.J.M. (2021): Analysis of allelic variants of RhMLO genes in rose and functional studies on susceptibility to powdery mildew related to clade V homologs. *Theoretical and Applied Genetics*, 134 (8), pp. 2495-2515, DOI: 10.1007/s00122-021-03838-7
10. Cheng, B., Wan, H., Han, Y., Yu, C., Luo, L., Pan, H., Zhang, Q. (2021): Identification and QTL Analysis of Flavonoids and Carotenoids in Tetraploid Roses Based on an Ultra-High-Density Genetic Map. *Frontiers in Plant Science*, 12, art. no. 682305, DOI: 10.3389/fpls.2021.682305.
11. YU, C., WAN, H.-H., BOURKE, P.M., CHENG, B.-X., LUO, L., PAN, H.-T., ZHANG, Q.-X. (2021): High density genetic map and quantitative trait loci (QTLs) associated with petal number and flower diameter identified in tetraploid rose. *Journal of Integrative Agriculture*, 20 (5), pp. 1287-1301, DOI: 10.1016/S2095-3119(20)63416-5.
12. Gahlaut, V., Kumari, P., Jaiswal, V., Kumar, S. (2021): Genetics, genomics and breeding in *Rosa* species. *Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, 96 (5), pp. 545-559, DOI: 10.1080/14620316.2021.1894078.

13. Li, C., Zheng, Y., Huang, P. (2020): Molecular markers from the chloroplast genome of rose provide a complementary tool for variety discrimination and profiling. *Scientific Reports*, 10 (1), art. no. 12188, DOI: 10.1038/s41598-020-68092-1
14. Yamamoto, E., Shirasawa, K., Kimura, T., Monden, Y., Tanaka, M., Isobe, S. (2020): Genetic mapping in autohexaploid sweet potato with low-coverage NGS-based genotyping data. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 10 (8), pp. 2661-2670, DOI: 10.1534/g3.120.401433.
15. Nguyen, T.H.N., Tänzer, S., Rudeck, J., Winkelmann, T., Debener, T. (2020): Genetic analysis of adventitious root formation in vivo and in vitro in a diversity panel of roses. *Scientia Horticulturae*, 266, art. no. 109277, DOI: 10.1016/j.scienta.2020.109277.
16. Desta, Z.A., de Koning, D.-J., Ortiz, R. (2020): Molecular mapping and identification of quantitative trait loci for domestication traits in the field cress (*Lepidium campestre* L.) genome. *Heredity*, 124 (4), pp. 579-591, DOI: 10.1038/s41437-020-0296-x.
17. Desta, Z.A., Kolano, B., Shamim, Z., Armstrong, S.J., Rewers, M., Sliwinska, E., Kushwaha, S.K., Parkin, I.A.P., Ortiz, R., de Koning, D.-J. (2019): Field cress genome mapping: Integrating linkage and comparative maps with cytogenetic analysis for rDNA carrying chromosomes. *Scientific Reports*, 9 (1), art. no. 17028, DOI: 10.1038/s41598-019-53320-0.
18. Su, J., Jiang, J., Zhang, F., Liu, Y., Ding, L., Chen, S., Chen, F. (2019): Current achievements and future prospects in the genetic breeding of chrysanthemum: a review. *Horticulture Research*, 6 (1), art. no. 109, DOI: 10.1038/s41438-019-0193-8.
19. Smulders, M.J.M., Arens, P., Bourke, P.M., Debener, T., Linde, M., Riek, J.D., Leus, L., Ruttink, T., Baudino, S., Hibrant Saint-Oyant, L., Clotault, J., Foucher, F. (2019): In the name of the rose: a roadmap for rose research in the genome era. *Horticulture Research*, 6 (1), art. no. 65, DOI: 10.1038/s41438-019-0156-0.
20. Li, S., Yang, G., Yang, S., Just, J., Yan, H., Zhou, N., Jian, H., Wang, Q., Chen, M., Qiu, X., Zhang, H., Dong, X., Jiang, X., Sun, Y., Zhong, M., Bendahmane, M., Ning, G., Ge, H., Hu, J.-Y., Tang, K. (2019): The development of a high-density genetic map significantly improves the quality of reference genome assemblies for rose. *Scientific Reports*, 9 (1), art. no. 5985, DOI: 10.1038/s41598-019-42428-y.
21. Li, S., Lv, S., Yu, K., Wang, Z., Li, Y., Ni, X., Jin, X., Huang, G., Wang, J., Cheng, S., Wang, E., Zhang, G., Huang, J. (2019): Construction of a high-density genetic map of tree peony

(*Paeonia suffruticosa* Andr. Moutan) using restriction site associated DNA sequencing (RADseq) approach. *Tree Genetics and Genomes*, 15 (4), art. no. 63, DOI: 10.1007/s11295-019-1367-0.

22. Smulders, M.J.M., van de Weg, W.E., Bourke, P.M., Voorrips, R.E., Arens, P., Maliepaard, C. (2019): Some thoughts on how to use markers in tetraploid rose breeding. *Acta Horticulturae*, 1232, pp. 1-6. DOI: 10.17660/ActaHortic.2019.1232.1.

23. Zlesak, D.C., Zuzek, K., Melcher, M., Hokanson, S.C., Van Schaick, J., Varghese, A., Carlson, C., Ghavami, F. (2019): SNP markers linked to sex in dioecious *Rosa setigera* Michx. *Acta Horticulturae*, 1232, pp. 33-39, DOI: 10.17660/ActaHortic.2019.1232.6.

24. Yan, M., Byrne, D.H., Klein, P.E., van de Weg, W.E., Yang, J., Cai, L. (2019): Black spot partial resistance in diploid roses: QTL discovery and linkage map creation. *Acta Horticulturae*, 1232, pp. 135-141. DOI: 10.17660/ActaHortic.2019.1232.21.

25. Li, S., Zhong, M., Dong, X., Jiang, X., Xu, Y., Sun, Y., Cheng, F., Li, D.-Z., Tang, K., Wang, S., Dai, S., Hu, J.-Y. (2018): Comparative transcriptomics identifies patterns of selection in roses. *BMC Plant Biology*, 18 (1), art. no. 371, DOI: 10.1186/s12870-018-1585-x.

26. Yan, M., Byrne, D.H., Klein, P.E., Yang, J., Dong, Q., Anderson, N., Klein, P.E. (2018): Genotyping-by-sequencing application on diploid rose and a resulting high-density SNP-based consensus map. *Horticulture Research*, 5 (1), art. no. 17, DOI: 10.1038/s41438-018-0021-6.

27. Bourke, P.M., Van Geest, G., Voorrips, R.E., Jansen, J., Kranenburg, T., Shahin, A., Visser, R.G.F., Arens, P., Smulders, M.J.M., Maliepaard, C. (2018): PolymapR - Linkage analysis and genetic map construction from F1 populations of outcrossing polyploids. *Bioinformatics*, 34 (20), pp. 3496-3502, DOI: 10.1093/bioinformatics/bty371.

28. Bourke, P.M., Voorrips, R.E., Visser, R.G.F., Maliepaard, C. (2018): Tools for genetic studies in experimental populations of polyploids. *Frontiers in Plant Science*, 9, art. no. 513, DOI: 10.3389/fpls.2018.00513.

29. Nakamura, N., Hirakawa, H., Sato, S., Otagaki, S., Matsumoto, S., Tabata, S., Tanaka, Y. (2018): Genome structure of *Rosa multiflora*, a wild ancestor of cultivated roses. *DNA Research*, 25 (2), pp. 113-121, DOI: 10.1093/dnares/dsx042.

30. Su, J., Yang, X., Zhang, F., Wu, S., Xiong, S., Shi, L., Guan, Z., Fang, W., Chen, F. (2018): Dynamic and epistatic QTL mapping reveals the complex genetic architecture of waterlogging tolerance in chrysanthemum. *Planta*, 247 (4), pp. 899-924, DOI: 10.1007/s00425-017-2833-2.

31. You, Q., Yang, X., Peng, Z., Xu, L., Wang, J. (2018): Development and applications of a high throughput genotyping tool for polyploid crops: Single nucleotide polymorphism (SNP) array. *Frontiers in Plant Science*, 9, art. no. 104, DOI: 10.3389/fpls.2018.00104.
32. Yagi, M. (2018): Recent progress in whole genome sequencing, high-density linkage maps, and genomic databases of ornamental plants. *Breeding Science*, 68 (1), pp. 62-70, DOI: 10.1270/jsbbs.17080.
33. Nguyen, T.H.N., Schulz, D., Winkelmann, T., Debener, T. (2017): Genetic dissection of adventitious shoot regeneration in roses by employing genome-wide association studies. *Plant Cell Reports*, 36 (9), pp. 1493-1505, DOI: 10.1007/s00299-017-2170-8.
34. van Geest, G., Voorrips, R.E., Esselink, D., Post, A., Visser, R.G.F., Arens, P. (2017): Conclusive evidence for hexasomic inheritance in chrysanthemum based on analysis of a 183 k SNP array. *BMC Genomics*, 18 (1), art. no. 585, DOI: 10.1186/s12864-017-4003-0.
35. Bourke, P.M., Arens, P., Voorrips, R.E., Esselink, G.D., Koning-Boucoiran, C.F.S., van't Westende, W.P.C., Santos Leonardo, T., Wissink, P., Zheng, C., van Geest, G., Visser, R.G.F., Krens, F.A., Smulders, M.J.M., Maliepaard, C. (2017): Partial preferential chromosome pairing is genotype dependent in tetraploid rose. *Plant Journal*, 90 (2), pp. 330-343, DOI: 10.1111/tpj.13496.
36. Peace, C.P. (2017): DNA-informed breeding of rosaceous crops: Promises, progress and prospects. *Horticulture Research*, 4, art. no. 17006, DOI: 10.1038/hortres.201.

Smulders, M.J.M., Voorrips, R.E., Esselink, F.D., Santos Leonardo, T.M., van 't Westende, W.P.C., Vukosavljev, M., Koning-Boucoiran, C.F.S., van de Weg, W.E., Arens, P., Schulz, D., Debener, T., Bellon, L., Mittmann, M., Pirani, A., Webster, T., Brew, F., Cox, P., Maliepaard, P. (2013): Development of the WagRhSNP Axiom SNP array based on sequences from tetraploid cut roses and garden roses. *Acta Hort.* 1064: 177-184.

Цитиран у:

1. Huang, P., Lin, F., Li, B., Zheng, Y. (2019): Hybrid-transcriptome sequencing and associated metabolite analysis reveal putative genes involved in flower color difference in rose mutants. *Plants*, 8 (8), art. no. 267, DOI: 10.3390/plants8080267.
2. Nguyen, T.H.N., Winkelmann, T., Debener, T. (2019): Development of markers for shoot organogenesis in roses. *Acta Horticulturae*, 1232, pp. 7-14. DOI: 10.17660/ActaHortic.2019.1232.2

3. Schulz, D.F., Schott, R.T., Voorrips, R.E., Smulders, M.J.M., Linde, M., Debener, T. (2016): Genome-wide association analysis of the anthocyanin and carotenoid contents of rose petals. *Frontiers in Plant Science*, 7 (DECEMBER2016), art. no. 1798, DOI: 10.3389/fpls.2016.01798.
4. Vukosavljev, M., Arens, P., Voorrips, R.E., Van'T Westende, W.P.C., Esselink, G.D., Bourke, P.M., Cox, P., Van De Weg, W.E., Visser, R.G.F., Maliepaard, C., Smulders, M.J.M. (2016): High-density SNP-based genetic maps for the parents of an outcrossed and a selfed tetraploid garden rose cross, inferred from admixed progeny using the 68k rose SNP array. *Horticulture Research*, 3, art. no. 16052, DOI: 10.1038/hortres.2016.52.
5. Koning-Boucoiran, C.F.S., Danny Esselink, G., Vukosavijev, M., Van'T Westende, W.P.C., Gitonga, V.W., Krens, F.A., Voorrips, R.E., Van De Weg, W.E., Schulz, D., Debener, T., Maliepaard, C., Arens, P., Smulders, M.J.M. (2015): Using RNA-seq to assemble a rose transcriptome with more than 13,000 full-length expressed genes and to develop the wagRhSNP 68k axiom SNP array for rose (*Rosa l.*). *Frontiers in Plant Science*, 6 (APR), art. no. 249, pp. 1-10., DOI: 10.3389/fpls.2015.00249.

Vukosavljev M., Esselink G.D., van 't Westende W.P.C., Cox P., Visser R.G.F., Arens P., Smulders M.J.M. (2015): Efficient development of highly polymorphic microsatellite markers based on polymorphic repeats in transcriptome sequences of multiple individuals. *Molecular Ecology Resources*, 15 (1) , pp. 17-27

Цитиран у:

1. Parmar, R., Seth, R., Sharma, R.K. (2022): Genome-wide identification and characterization of functionally relevant microsatellite markers from transcription factor genes of Tea (*Camellia sinensis* (L.) O. Kuntze). *Scientific Reports*, 12 (1), art. no. 201, DOI: 10.1038/s41598-021-03848-x.
2. Wattanadilokchatkun, P., Panthum, T., Jaisamut, K., Ahmad, S.F., Dokkaew, S., Muangmai, N., Duengkae, P., Singchat, W., Srikulnath, K. (2022): Characterization of Microsatellite Distribution in Siamese Fighting Fish Genome to Promote Conservation and Genetic Diversity. *Fishes*, 7 (5), art. no. 251, DOI: 10.3390/fishes7050251.
3. Guo, Y.-H., Halasan, L.C., Wang, H.-Y., Lin, H.-C. (2022): High migratory propensity constitutes a single stock of an exploited cutlassfish species in the Northwest Pacific: A microsatellite approach. *PLoS ONE*, 17 (3 March), art. no. e0265548, DOI: 10.1371/journal.pone.0265548.
4. Komaei Koma, G., Şekerli, M., Snelling, J.W., Mehlenbacher, S.A. (2021): New Sources of Eastern Filbert Blight Resistance and Simple Sequence Repeat Markers on Linkage Group 6 in

Hazelnut (*Corylus avellana* L.). *Frontiers in Plant Science*, 12, art. no. 684122, DOI: 10.3389/fpls.2021.684122.

5. Guney, M., Kafkas, S., Zarifikhosroshahi, M., Gundesli, M.A., Ercisli, S., Holubec, V. (2021): Genetic diversity and relationships of terebinth (*Pistacia terebinthus* L.) genotypes growing wild in Turkey. *Agronomy*, 11 (4), art. no. 671, DOI: 10.3390/agronomy11040671.

6. Ab Razak, S., Ghazalli, M.N., Azman, N.H.E.N., Abd Majid, A.M., Ismail, S.N. (2021): RAD sequencing for the development of microsatellite markers for identification of Malaysian taro cultivars. *Biotechnology and Biotechnological Equipment*, 35 (1), pp. 1284-1290, DOI: 10.1080/13102818.2021.1969278.

7. Şekerli, M., Koma, G.K., Snelling, J.W., Mehlenbacher, S.A. (2021): New simple sequence repeat markers on linkage groups 2 and 7, and investigation of new sources of eastern filbert blight resistance in Hazelnut. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 146 (4), pp. 252-266, DOI: 10.21273/JASHS05040-21.

8. Daemi-Saeidabad, M., Shojaeiyan, A., Vivian-Smith, A., Stenøien, H.K., Falahati-Anbaran, M. (2020): The taxonomic significance of ddRADseq based microsatellite markers in the closely related species of *Heracleum* (Apiaceae). *PLoS ONE*, 15 (5), art. no. e0232471, DOI: 10.1371/journal.pone.0232471.

9. Kong, Q., Liu, Y., Xie, J., Bie, Z. (2020): Development of Simple Sequence Repeat Markers from De Novo Assembled Transcriptomes of Pumpkins. *Plant Molecular Biology Reporter*, 38 (1), pp. 130-136, DOI: 10.1007/s11105-019-01189-8.

10. Guo, L., Yao, H., Shepherd, B., Sepulveda-Villet, O.J., Zhang, D.-C., Wang, H.-P. (2019): Development of a genomic resource and identification of nucleotide diversity of yellow perch by rad sequencing. *Frontiers in Genetics*, 10 (OCT), art. no. 992, DOI: 10.3389/fgene.2019.00992.

11. López, A.M., Barrera, C.F., Marulanda, M.L. (2019): Evaluation of SSR and SNP markers in *rubus glaucus* benth progenitors selection [Avaliação dos marcadores SSR e SNP na seleção de progenitores em *rubus glaucus* benth]. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 41 (1), art. no. e-081, DOI: 10.1590/0100-29452019081.

12. Xia, Y., Luo, W., Yuan, S., Zheng, Y., Zeng, X. (2018): Microsatellite development from genome skimming and transcriptome sequencing: Comparison of strategies and lessons from frog species 06 *Biological Sciences* 0604 *Genetics*. *BMC Genomics*, 19 (1), art. no. 886, DOI: 10.1186/s12864-018-5329-y.

13. Parada-Rojas, C.H., Quesada-Ocampo, L.M. (2018): Analysis of microsatellites from transcriptome sequences of *Phytophthora capsici* and applications for population studies. *Scientific Reports*, 8 (1), art. no. 5194, DOI: 10.1038/s41598-018-23438-8.
14. Meng, L., Wang, Y., Wei, W.-H., Zhang, H. (2018): Population genetic structure of *Diaphorina citri* Kuwayama (Hemiptera: Liviidae): host-driven genetic differentiation in China. *Scientific Reports*, 8 (1), art. no. 1473, DOI: 10.1038/s41598-018-19533-5.
15. Hu, C., Yang, H., Jiang, K., Wang, L., Yang, B., Hsieh, T., Lan, S., Huang, W. (2018): Development of polymorphic microsatellite markers by using de novo transcriptome assembly of *Calanthe masuca* and *C. sinica* (Orchidaceae). *BMC Genomics*, 19 (1), art. no. 800, DOI: 10.1186/s12864-018-5161-4.
16. Motalebipour, E.Z., Gozel, H., Khodaeiaminjan, M., Kafkas, S. (2018): SSR-based genetic linkage map construction in pistachio using an interspecific F1 population and QTL analysis for leaf and shoot traits, DOI: 10.1007/s11032-018-0893-z.
17. Khodaeiaminjan, M., Kafkas, S., Motalebipour, E.Z., Coban, N. (2018): In silico polymorphic novel SSR marker development and the first SSR-based genetic linkage map in pistachio. *Tree Genetics and Genomes*, 14 (4), art. no. 45, DOI: 10.1007/s11295-018-1259-8.
18. Guo, L., Guo, D., Zhao, W., Hou, X. (2018): Newly developed SSR markers reveal genetic diversity and geographical clustering in *Paeonia suffruticosa* based on flower colour. *Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, 93 (4), pp. 416-424, DOI: 10.1080/14620316.2017.1373039.
19. Yang, W., Zheng, J., Jia, B., Wei, H., Wang, G., Yang, F. (2018): Isolation of novel microsatellite markers and their application for genetic diversity and parentage analyses in sika deer. *Gene*, 643, pp. 68-73, DOI: 10.1016/j.gene.2017.12.007.
20. Cui, X., Huang, X., Chen, J., Yang, X., Rong, J. (2018): An efficient method for developing polymorphic microsatellite markers from high-throughput transcriptome sequencing: A case study of hexaploid oil-tea camellia (*camellia oleifera*). *Euphytica*, 214 (2), art. no. 26, pp. 1-9, DOI: 10.1007/s10681-018-2114-6.
21. Banjanac, T., Skorić, M., Belamarić, M., Nestorović Živković, J., Mišić, D., Jelić, M., Dmitrović, S., Šiler, B. (2018): Pursuit for EST microsatellites in a tetraploid model from de novo transcriptome sequencing. *Genetika*, 50 (2), pp. 687-703, DOI: 10.2298/GENSR1802687B.

22. Shi, Y., Niu, K., Huang, B., Liu, W., Ma, H. (2017): Transcriptional responses of creeping bentgrass to 2,3-butanediol, a bacterial volatile compound (BVC) analogue. *Molecules*, 22 (8), art. no. 1318, DOI: 10.3390/molecules22081318.
23. El Mujtar, V., López, M., Amalfi, S., Pomponio, F., Marcucci Poltri, S., Torales, S. (2017): Characterisation and transferability of transcriptomic microsatellite markers for *Nothofagus* species. *New Zealand Journal of Botany*, 55 (3), pp. 347-356, DOI: 10.1080/0028825X.2017.1340310.
24. Honig, J.A., Zelzion, E., Wagner, N.E., Kubik, C., Averello, V., Vaiciunas, J., Bhattacharya, D., Bonos, S.A., Meyer, W.A. (2017): Microsatellite identification in perennial ryegrass using next-generation sequencing. *Crop Science*, 57, pp. S-331-S-340, DOI: 10.2135/cropsci2016.07.0608.
25. Dong, B., Wu, B., Hong, W., Li, X., Li, Z., Xue, L., Huang, Y. (2017): Transcriptome analysis of the tea oil camellia (*Camellia oleifera*) reveals candidate drought stress genes. *PLoS ONE*, 12 (7), art. no. e0181835, DOI: 10.1371/journal.pone.0181835.
26. Bhattarai, G., Mehlenbacher, S.A. (2017): In silico development & characterization of trinucleotide simple sequence repeat markers in hazelnut (*Corylus avellana* L.). *PLoS ONE*, 12 (5), art. no. e0178061, DOI: 10.1371/journal.pone.0178061.
27. Nybom, H., Werlemark, G. (2017): Realizing the potential of health-promoting rosehips from dogroses (*Rosa* sect. *caninae*). *Current Bioactive Compounds*, 13 (1), pp. 3-17, DOI: 10.2174/1573407212666160607090635.
28. An, M., Deng, M., Zheng, S.-S., Song, Y.-G. (2016): De novo transcriptome assembly and development of SSR markers of oaks *Quercus austrocochinchinensis* and *Q. kerrii* (Fagaceae). *Tree Genetics and Genomes*, 12 (6), art. no. 103, DOI: 10.1007/s11295-016-1060-5.
29. Vukosavljev, M., Arens, P., Voorrips, R.E., Van'T Westende, W.P.C., Esselink, G.D., Bourke, P.M., Cox, P., Van De Weg, W.E., Visser, R.G.F., Maliepaard, C., Smulders, M.J.M. (2016): High-density SNP-based genetic maps for the parents of an outcrossed and a selfed tetraploid garden rose cross, inferred from admixed progeny using the 68k rose SNP array. *Horticulture Research*, 3, art. no. 16052, DOI: 10.1038/hortres.2016.52.
30. Gitonga, V.W., Stolker, R., Koning-Boucoiran, C.F.S., Aelaei, M., Visser, R.G.F., Maliepaard, C., Krens, F.A. (2016): Inheritance and QTL analysis of the determinants of flower color in tetraploid cut roses. *Molecular Breeding*, 36 (10), art. no. 143, DOI: 10.1007/s11032-016-0565-9.

31. Rotchanapreeda, T., Wongniam, S., Swangpol, S.C., Chareonsap, P.P., Sukkaewmanee, N., Somana, J. (2016): Development of SSR markers from *Musa balbisiana* for genetic diversity analysis among Thai bananas. *Plant Systematics and Evolution*, 302 (7), pp. 739-761, DOI: 10.1007/s00606-015-1274-2.
32. Li, K., Wang, H., Cai, Z., Wang, L., Xu, Q., Lövy, M., Wang, Z., Nevo, E. (2016): Sympatric speciation of spiny mice, *Acomys*, unfolded transcriptomically at Evolution Canyon, Israel. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 113 (29), pp. 8254-8259, DOI: 10.1073/pnas.1608743113.
33. Zhang, X., Zhang, J., Zhang, W., Yang, T., Xiong, Y., Che, D. (2016): Transcriptome sequencing and de novo analysis of *Rosa multiflora* under cold stress. *Acta Physiologiae Plantarum*, 38 (7), art. no. 164, DOI: 10.1007/s11738-016-2184-9.
34. Gan, L., Di, R., Chao, Y., Han, L., Chen, X., Wu, C., Yin, S. (2016): De novo transcriptome analysis for Kentucky bluegrass dwarf mutants induced by space mutation. *PLoS ONE*, 11 (3), art. no. e0151768, DOI: 10.1371/journal.pone.0151768.
35. Jin, F.Y., Shu, H.J., Liu, J., Guan, Z.N., Zhang, S.P. (2016): Advances in population biology of *Rosa rugosa*. *Shengtai Xuebao*, 36 (11), pp. 3156-3166, DOI: 10.5846/stxb201506231269.
36. Saeed, A.F., Wang, R., Wang, S. (2016): Microsatellites in pursuit of microbial genome evolution. *Frontiers in Microbiology*, 6 (JAN), art. no. 01462, DOI: 10.3389/fmicb.2015.01462.
37. Bonatelli, I.A.S., Carstens, B.C., Moraes, E.M. (2015): Using next generation RAD sequencing to isolate multispecies microsatellites for *Pilosocereus* (Cactaceae): *PLoS ONE*, 10 (11), art. no. e0142602, DOI: 10.1371/journal.pone.0142602.
38. Kovach, A.I., Walsh, J., Ramsdell, J., Kelley Thomas, W. (2015): Development of diagnostic microsatellite markers from whole-genome sequences of *Ammodramus* sparrows for assessing admixture in a hybrid zone. *Ecology and Evolution*, 5 (11), pp. 2267-2283, DOI: 10.1002/ece3.1514.
39. Koning-Boucoiran, C.F.S., Danny Esselink, G., Vukosavijev, M., Van'T Westende, W.P.C., Gitonga, V.W., Krens, F.A., Voorrips, R.E., Van De Weg, W.E., Schulz, D., Debener, T., Maliepaard, C., Arens, P., Smulders, M.J.M. (2015): Using RNA-seq to assemble a rose transcriptome with more than 13,000 full-length expressed genes and to develop the wagRhSNP 68k axiom SNP array for rose (*Rosa l.*). *Frontiers in Plant Science*, 6 (APR), art. no. 249, pp. 1-10, DOI: 10.3389/fpls.2015.00249.

40. Restrepo, A., Páez, V.P., Vásquez, A., Daza, J.M. (2015): Rapid microsatellite marker development in the endangered neotropical freshwater turtle *Podocnemis lewyana* (Testudines: Podocnemididae) using 454 sequencing. *Biochemical Systematics and Ecology*, 59, pp. 220-225, DOI: 10.1016/j.bse.2015.01.017.

41. Nam, H.Y., Coates, B., Kim, K.S., Park, M., Lee, J.-H., Goodacre, S. (2015): Characterization of 12 novel microsatellite markers of *Sogatella furcifera* (Hemiptera: Delphacidae) identified from next-generation sequence data. *Journal of Insect Science*, 15 (1), DOI: 10.1093/jisesa/iev069.

42. Addisalem, A.B., Esselink, G.D., Bongers, F., Smulders, M.J.M. (2015): Genomic sequencing and microsatellite marker development for *Boswellia papyrifera*, an economically important but threatened tree native to dry tropical forests. *AoB PLANTS*, 7 (1), DOI: 10.1093/aobpla/plu086.

Vukosavljev M., Zhang J., Esselink G.D., van 't Westende W.P.C., Cox P., Visser R.G.F., Arens P., Smulders M.J.M. (2013): Genetic diversity and differentiation in roses: A garden rose perspective. *Scientia Horticulturae*, 162 , pp. 320-332.

Цитиран у:

1. Wang, H. (2024): Beneficial medicinal effects and material applications of rose. *Heliyon*, 10 (1), art. no. e23530, DOI: 10.1016/j.heliyon.2023.e23530.

2. Schulz, D., Linde, M., Debener, T. (2023): Robust markers associated with floral traits in roses are suitable for marker-assisted selection across gene pools. *Molecular Breeding*, 43 (12), art. no. 90, DOI: 10.1007/s11032-023-01438-5.

3. Pawula, C., Lepais, O., Guichoux, E., Chastellier, A., Chancerel, E., Malecot, V., Grapin, A., Clotault, J., Pernet, A. (2023): Putting rose microsatellites into orbit: development and assessment of an SSR sequencing method. *Acta Horticulturae*, 1368, pp. 351-359, DOI: 10.17660/ACTAHORTIC.2023.1368.45.

4. Xia, A.-N., Yang, A.-A., Meng, X.-S., Dong, G.-Z., Tang, X.-J., Lei, S.-M., Liu, Y.-G. (2022): Development and application of rose (*Rosa chinensis* Jacq.) SNP markers based on SLAF-seq technology. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 69 (1), pp. 173-182, DOI: 10.1007/s10722-021-01215-3.

5. Mostafavi, A.S., Omid, M., Azizinezhad, R., Etminan, A., Badi, H.N. (2021): Genetic diversity analysis in a mini core collection of Damask rose (*Rosa damascena* Mill.) germplasm from Iran using URP and SCoT markers. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*, 19 (1), art. no. 144, DOI: 10.1186/s43141-021-00247-7.
6. Younis, I.Y., El-Hawary, S.S., Eldahshan, O.A., Abdel-Aziz, M.M., Ali, Z.Y. (2021): Green synthesis of magnesium nanoparticles mediated from *Rosa floribunda* charisma extract and its antioxidant, antiaging and antibiofilm activities. *Scientific Reports*, 11 (1), art. no. 16868, DOI: 10.1038/s41598-021-96377-6.
7. Fang, P., Arens, P., Liu, X., Zhang, X., Lakwani, D., Foucher, F., Clotault, J., Geike, J., Kaufmann, H., Debener, T., Bai, Y., Zhang, Z., Smulders, M.J.M. (2021): Analysis of allelic variants of RhMLO genes in rose and functional studies on susceptibility to powdery mildew related to clade V homologs. *Theoretical and Applied Genetics*, 134 (8), pp. 2495-2515, DOI: 10.1007/s00122-021-03838-7.
8. Bheemanahalli, R., Gajanayake, B., Lokhande, S., Singh, K., Seepaul, R., Collins, P., Reddy, K.R. (2021): Physiological and pollen-based screening of shrub roses for hot and drought environments. *Scientia Horticulturae*, 282, art. no. 110062, DOI: 10.1016/j.scienta.2021.110062.
9. Nybom, H., Lācis, G. (2021): Recent large-scale genotyping and phenotyping of plant genetic resources of vegetatively propagated crops. *Plants*, 10 (2), art. no. 415, pp. 1-30, DOI: 10.3390/plants10020415.
10. Gahlaut, V., Kumari, P., Jaiswal, V., Kumar, S. (2021): Genetics, genomics and breeding in *Rosa* species. *Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, 96 (5), pp. 545-559, DOI: 10.1080/14620316.2021.1894078.
11. Khan, M.F., Hafiz, I.A., Abbasi, N.A., Shah, M.K.N. (2020): Mitigation of seed dormancy and microsatellite analysis of hybrid population of Garden roses (*Rosa hybrida*). *Scientia Horticulturae*, 262, art. no. 109044, DOI: 10.1016/j.scienta.2019.109044
12. dos Reis, M.V., Rouhana, L.V., Sadeque, A., Koga, L., Clough, S.J., Calla, B., Paiva, P.D.D.O., Korban, S.S. (2020): Genome-wide expression of low temperature response genes in *Rosa hybrida* L. *Plant Physiology and Biochemistry*, 146, pp. 238-248, DOI: 10.1016/j.plaphy.2019.11.021.
13. Rouet, C., Lee, E.A., Banks, T., O'Neill, J., LeBlanc, R., Somers, D.J. (2020): Identification of a polymorphism within the *Rosa multiflora* muRdr1A gene linked to resistance

to multiple races of *Diplocarpon rosae* W. in tetraploid garden roses (*Rosa* × *hybrida*). *Theoretical and Applied Genetics*, 133 (1), pp. 103-117, DOI: 10.1007/s00122-019-03443-9.

14. Smulders, M.J.M., Arens, P., Bourke, P.M., Debener, T., Linde, M., Riek, J.D., Leus, L., Ruttink, T., Baudino, S., Hibrant Saint-Oyant, L., Clotault, J., Foucher, F. (2019): In the name of the rose: a roadmap for rose research in the genome era. *Horticulture Research*, 6 (1), art. no. 65, DOI: 10.1038/s41438-019-0156-0.

15. Agarwal, A., Gupta, V., Ul Haq, S., Jatav, P.K., Kothari, S.L., Kachhwaha, S. (2019): Assessment of genetic diversity in 29 rose germplasms using SCoT marker. *Journal of King Saud University - Science*, 31 (4), pp. 780-788, DOI: 10.1016/j.jksus.2018.04.022.

16. Ouyang, L., Leus, L., Van Labeke, M.-C. (2019): Three-year screening for cold hardiness of garden roses, *Scientia Horticulturae*, 245, pp. 12-18, DOI: 10.1016/j.scienta.2018.10.003.

17. Tomljenović, N., Jemrić, T., Šimon, S., Žulj Mihaljević, M., Gaši, F., Pejić, I. (2019): Genetic variability within and among generative dog rose (*Rosa* spp.) offsprings [Genetska varijabilnost unutar i između generativnih potomstava divlje ruže (*Rosa* spp.)]. *Journal of Central European Agriculture*, 20 (2), pp. 609-625, DOI: 10.5513/JCEA01/20.2.2240.

18. Ouyang, L., Leus, L., De Keyser, E., Van Labeke, M.-C. (2019): Seasonal changes in cold hardiness and carbohydrate metabolism in four garden rose cultivars. *Journal of Plant Physiology*, 232, pp. 188-199, DOI: 10.1016/j.jplph.2018.12.001.

19. Li, S., Zhong, M., Dong, X., Jiang, X., Xu, Y., Sun, Y., Cheng, F., Li, D.-Z., Tang, K., Wang, S., Dai, S., Hu, J.-Y. (2018): Comparative transcriptomics identifies patterns of selection in roses. *BMC Plant Biology*, 18 (1), art. no. 371, DOI: 10.1186/s12870-018-1585-x.

20. Malik, M., Warchoń, M., Pawłowska, B. (2018): Liquid culture systems affect morphological and biochemical parameters during *Rosa canina* plantlets in vitro production. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, 46 (1), pp. 58-64, DOI: 10.15835/nbha46110880.

21. Tan, J., Wang, J., Luo, L., Yu, C., Xu, T., Wu, Y., Cheng, T., Wang, J., Pan, H., Zhang, Q. (2017): Genetic relationships and evolution of old Chinese garden roses based on SSRs and chromosome diversity. *Scientific Reports*, 7 (1), art. no. 15437, DOI: 10.1038/s41598-017-15815-6.

22. Kwasniewska, E., Pawłowska, B. (2017): Efficient in vitro propagation of historical roses for biodiversity conservation. *Propagation of Ornamental Plants*, 17 (1), pp. 3-11.

23. Lu, X., Luan, S., Kong, J., Hu, L., Mao, Y., Zhong, S. (2017): Genome-wide mining, characterization, and development of microsatellite markers in *Marsipenaues japonicus* by genome survey sequencing. *Chinese Journal of Oceanology and Limnology*, 35 (1), pp. 203-214, DOI: 10.1007/s00343-016-5250-7.
24. Schulz, D.F., Schott, R.T., Voorrips, R.E., Smulders, M.J.M., Linde, M., Debener, T. (2016): Genome-wide association analysis of the anthocyanin and carotenoid contents of rose petals. *Frontiers in Plant Science*, 7 (DECEMBER2016), art. no. 1798, DOI: 10.3389/fpls.2016.01798.
25. Vukosavljev, M., Arens, P., Voorrips, R.E., Van'T Westende, W.P.C., Esselink, G.D., Bourke, P.M., Cox, P., Van De Weg, W.E., Visser, R.G.F., Maliepaard, C., Smulders, M.J.M. (2016): High-density SNP-based genetic maps for the parents of an outcrossed and a selfed tetraploid garden rose cross, inferred from admixed progeny using the 68k rose SNP array. *Horticulture Research*, 3, art. no. 16052, DOI: 10.1038/hortres.2016.52.
26. Liorzou, M., Pernet, A., Li, S., Chastellier, A., Thouroude, T., Michel, G., Malecot, V., Gaillard, S., Briece, C., Foucher, F., Oghina-Pavie, C., Clotault, J., Grapin, A. (2016): Nineteenth century French rose (*Rosa* sp.) germplasm shows a shift over time from a European to an Asian genetic background. *Journal of Experimental Botany*, 67 (15), pp. 4711-4725, DOI: 10.1093/jxb/erw269.
27. Koning-Boucoiran, C.F.S., Danny Esselink, G., Vukosavijev, M., Van't Westende, W.P.C., Gitonga, V.W., Krens, F.A., Voorrips, R.E., Van De Weg, W.E., Schulz, D., Debener, T., Maliepaard, C., Arens, P., Smulders, M.J.M. (2015): Using RNA-seq to assemble a rose transcriptome with more than 13,000 full-length expressed genes and to develop the wagRhSNP 68k axiom SNP array for rose (*Rosa* l.). *Frontiers in Plant Science*, 6 (APR), art. no. 249, pp. 1-10, DOI: 10.3389/fpls.2015.00249.
28. Vukosavljev, M., Esselink, G.D., van 't Westende, W.P.C., Cox, P., Visser, R.G.F., Arens, P., Smulders, M.J.M. (2015): Efficient development of highly polymorphic microsatellite markers based on polymorphic repeats in transcriptome sequences of multiple individuals. *Molecular Ecology Resources*, 15 (1), pp. 17-27, DOI: 10.1111/1755-0998.12289.
- J., Nastasic A., Stanisavljevic D., Sreckov Z., Mitrovic B., Treskic S., Vukosavljev M. (2011): Biplot analysis of diallel crosses of NS maize inbred lines. *Genetika*, 43 (2), pp. 277-284.

Цитиран у:

1. Olivo, M., Bassegio, D., Zanotto, M.D. (2020): Combining ability and heterosis in a diallel cross of safflower under Brazilian tropical conditions. *Agronomy Journal*, 112 (3), pp. 1580-1588, DOI: 10.1002/agj2.20151.
 2. Bianchi, M.B., Gibbs, P., Pratta, G. (2020): Biplot approach with self-incompatibility analyses of sib diallel cross data for *Lysimachia monelli* (Primulaceae), *Plant Biosystems*, 154 (2), pp. 222-230, DOI: 10.1080/11263504.2019.1587540.
 3. Ali, H.M.W., Saleem, M., Ahsan, M., Ahmad, R. (2019): Genetic basis of physiological traits and grain yield in maize under normal and high temperature. *International Journal of Agriculture and Biology*, 21 (1), pp. 229-236, DOI: 10.17957/IJAB/15.0887.
 4. Arifin, N.S., Nugraha, A.A., Waluyo, B., Ardiarini, N.R., Azrai, M. (2018): Grouping in heterotic pool of maize inbred lines based on numerical and graphical analysis of combining ability. *Sabrao Journal of Breeding and Genetics*, 50 (4), pp. 475-493.
 5. Hussain, M.A., Hussien, B.A. (2018): General and specific combining ability of maize traits studied in single cross hybrids. *Iraqi Journal of Agricultural Sciences*, 49 (6), pp. 982-989.
 6. Golkar, P., Shahbazi, E., Nouraein, M. (2017): Combining ability \times environment interaction and genetic analysis for agronomic traits in safflower (*Carthamus tinctorius* L.): biplot as a tool for diallel data. *Acta Agriculturae Slovenica*, 109 (2), pp. 165-173, DOI: 10.14720/aas.2017.109.2.07.
 7. Sadalla, H.A., Barznji, M.O., Kakarash, S.A. (2017): Full diallel crosses for estimation of genetic parameters in maize. *Iraqi Journal of Agricultural Sciences*, 48 (Specialissue), pp. 30-40.
 8. Pagliosa, E.S., Benin, G., Beche, E., da Silva, C.L., Milioli, A.S., Tonatto, M. (2017): Identifying superior spring wheat genotypes through diallel approaches. *Australian Journal of Crop Science*, 11 (1), pp. 112-117, DOI: 10.21475/ajcs.2017.11.01.289.
 9. Ruswandi, D., Supriatna, J., Waluyo, B., Makkulawu, A.T., Suryadi, E., Chindy, Z.U., Ruswandi, S. (2015): GGE biplot analysis for combining ability of grain yield and early maturity in maize mutant in Indonesia. *Asian Journal of Crop Science*, 7 (3), pp. 160-173, DOI: 10.3923/ajcs.2015.160.173.
- Kondic-Spika A., Vukosavljev M., Kobiljski B., Hristov N. (2011): Relationships among androgenetic components in wheat and their responses to the environment. *Journal of Biological Research*, 16 , pp. 217-223.

Цитиран у:

1. Bilgin, O., Sarier, S.Y., Başer, I., Balkan, A. (2022): Enhancement of Androgenesis and Plant Regeneration From Wheat Anther Culture by Seed Pre-Sowing Gamma Irradiation. *Journal of Tekirdag Agricultural Faculty*, 19 (2), pp. 354-365, DOI: 10.33462/jotaf.993270.
 2. Kanbar, O.Z., Lantos, C., Kiss, E., Pauk, J. (2011): Efficient in vitro anther culture for androgenic plant production in F3-6 winter wheat (*Triticum aestivum* L.) bulk combinations. *Indian Journal of Biotechnology*, 20 (3), pp. 284-293.
 3. Kanbar, O.Z., Lantos, C., Pauk, J. (2021): In vitro anther culture as efficiently applied technique for doubled haploid production of wheat (*Triticum aestivum* L.). *Ratarstvo i Povrtarstvo*, 58 (1), pp. 31-45, DOI: 10.5937/RATPOV58-29902.
 4. Kanbar, O.Z., Lantos, C., Chege, P.K., Kiss, E., Pauk, J. (2020): Generation of doubled haploid lines from winter wheat (*Triticum aestivum* L.) breeding material using in vitro anther culture. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*, 56 (4), pp. 150-158, DOI: 10.17221/113/2019-CJGPB.
 5. Kanbar, O.Z., Lantos, C., Kiss, E., Pauk, J. (2020): Androgenic responses of winter wheat (*Triticum aestivum* L.) combinations in in vitro anther culture. *Genetika*, 52 (1), pp. 335-350, DOI: 10.2298/GENSR2001335K.
 6. Lantos, C., Pauk, J. (2016): Anther culture as an effective tool in winter wheat (*Triticum aestivum* L.) breeding. *Russian Journal of Genetics*, 52 (8), pp. 794-801, DOI: 10.1134/S102279541608007X.
 7. Weigt, D., Kiel, A., Nawracała, J., Tomkowiak, A., Kurasiak-Popowska, D., Siatkowski, I., Ługowska, B. (2016): Obtaining doubled haploid lines of the Lr19 gene using anther cultures of winter wheat genotypes. *Biotechnologia*, 97 (4), pp. 285-293, DOI: 10.5114/bta.2016.64545.
 8. Durić, V., Mladenov, N., Hristov, N., Kondić-Špika, A., Aćin, V., Racić, M. (2014): The effect of sunn pest infested grains on wheat quality in different field conditions. *Romanian Agricultural Research*, (31).
 9. Lantos, C., Weyen, J., Orsini, J.M., Gnad, H., Schlieter, B., Lein, V., Kontowski, S., Jacobi, A., Mihály, R., Broughton, S., Pauk, J. (2013): Efficient application of in vitro anther culture for different European winter wheat (*Triticum aestivum* L.) breeding programmes. *Plant Breeding*, 132 (2), pp. 149-154, DOI: 10.1111/pbr.12032.
- Sreckov Z., Nastasic A., Bocanski J., Djalovic I., Vukosavljev M., Jockovic B. (2011): Correlation and path analysis of grain yield and morphological traits in test-cross populations of maize. *Pakistan Journal of Botany*, 43 (3), pp. 1729-1731.

Цитиран у:

1. Abdulla, S.M.S., Abulkhaleq, D.A., Towfiq, S.I. (2023): Genetic analysis of fatty acids, oil and protein percent in maize (*zea mays* l.) Using partial diallel mating design. *Tikrit Journal for Agricultural Sciences*, 23 (4), pp. 58-73, DOI: 10.25130/tjas.23.4.6.
2. Ren, H., Liu, M., Zhang, J., Liu, P., Liu, C. (2022): Effects of agronomic traits and climatic factors on yield and yield stability of summer maize (*Zea mays* L) in the Huang-Huai-Hai Plain in China. *Frontiers in Plant Science*, 13, art. no. 1050064, DOI: 10.3389/fpls.2022.1050064.
3. Mbuma, N.W., Gerrano, A.S., Lebaka, N., Labuschagne, M. (2022): Interrelationship between grain yield components and nutritional quality traits in cowpea genotypes. *South African Journal of Botany*, 150, pp. 34-43, DOI: 10.1016/j.sajb.2022.07.006.
4. Amegbor, I.K., van Biljon, A., Shargie, N., Tarekegne, A., Labuschagne, M.T. (2022): Heritability and Associations among Grain Yield and Quality Traits in Quality Protein Maize (QPM) and Non-QPM Hybrids. *Plants*, 11 (6), art. no. 713, DOI: 10.3390/plants11060713.
5. Jocković, B., Mirosavljević, M., Aćin, V., Ilin, S., Živančev, D., Banjac, B., Dražić, T. (2022): Gene action for grain yield and its correlation with yield components in a diallel cross of winter wheat (*Triticum aestivum* L.). *Ratarstvo i Povrtarstvo*, 59 (3), pp. 56-63, DOI: 10.5937/ratpov59-39585.
6. Rahimi Jahangirlou, M., Akbari, G.A., Alahdadi, I., Soufizadeh, S., Ludemann, C., Parsons, D. (2022): Phenotypic predictors of dent maize grain quality based on different genetics and management practices. *Journal of Cereal Science*, 103, art. no. 103388, DOI: 10.1016/j.jcs.2021.103388.
7. Olakojo, O., Bankole, F., Ogunniyan, D. (2021): Correlation, regression and cluster analyses on yield attributes and popping characteristics of popcorn (*Zea mays* L. *everta*) in derived savanna and rainforest agro-ecologies of Nigeria [Korelacijska, regresijska in klasterka analiza dejavnikov, ki vplivajo na pridelek in ekspanzijske lastnosti pokovke (*Zea mays* L. *everta*) v agroekosistemih prehodne savane in dezevnega gozda Nigerije]. *Acta Agriculturae Slovenica*, 117 (3), DOI: 10.14720/aas.2021.117.3.1625.
8. Semahegn, Y., Shimelis, H., Laing, M., Mathew, I. (2021): Genetic variability and association of yield and yield components among bread wheat genotypes under drought-stressed conditions. *Australian Journal of Crop Science*, 15 (6), pp. 863-870, DOI: 10.21475/ajcs.21.15.06.p2987.

9. Djaman, K., Owen, C., West, M.M., Allen, S., Koudahe, K., Darapuneni, M., O'neill, M. (2020): Relationship between relative maturity and grain yield of maize (*Zea mays* L.) hybrids in Northwest New Mexico for the 2003–2019 period. *Agriculture (Switzerland)*, 10 (7), art. no. 290, pp. 1-12, DOI: 10.3390/agriculture10070290.
10. Gandhi, D.P., Bharathi, T.U. (2020): Correlation and path coefficient analysis in tuberose cultivars single. *Agricultural Science Digest*, 40 (2), pp. 134-138, DOI: 10.18805/ag.D-5028.
11. Aristil, J., Pilu, R., Spada, A. (2019): Morphological diversity among local and introduced maize (*zea mays* L.) varieties in Haiti for yield improvement. *Maydica*, 64 (1), pp. 1-7.
12. Rahim, F., Khan, M.Q., Ashraf, N., Shafi, N., Khawaja, S., Khalid, S., Zahid, G., Ahmed, M., Ahmed, M.S. (2019): Characterization of *Zea Mays* L. through morphological, biochemical and molecular markers. *Applied Ecology and Environmental Research*, 17 (3), pp. 6445-6456, DOI: 10.15666/aer/1703_64456456.
13. Toebe, M., Cargnelutti Filho, A., Storck, L., Lúcio, A.D. (2017): Direct effects on scenarios and types of path analyses in corn hybrids. *Genetics and Molecular Research*, 16 (1), art. no. gmr16019529, DOI: 10.4238/gmr16019529.
14. Ramzan, A., Nawab, N.N., Ahad, A., Hafiz, I.A., Tariq, M.S., Ikram, S. (2016): Genetic variability, correlation studies and path coefficient analysis in *Gladiolus alatus* cultivars. *Pakistan Journal of Botany*, 48 (4), pp. 1573-1578.
15. Mhoswa, L., Derera, J., Qwabe, F.N.P., Musimwa, T.R. (2016): Diversity and path coefficient analysis of Southern African maize hybrids. *Chilean Journal of Agricultural Research*, 76 (2), pp. 143-151, DOI: 10.4067/S0718-58392016000200002.
16. Silva, T.N., Moro, G.V., Moro, F.V., Dos Santos, D.M.M., Buzinaro, R. (2016): Correlation and path analysis of agronomic and morphological traits in maize. *Revista Ciencia Agronomica*, 47 (2), pp. 351-357, DOI: 10.5935/1806-6690.20160041.
17. Jocković, M., Jocić, S., Marjanović-Jeromela, A., Ćirić, M., Ćanak, P., Miklič, V., Cvejić, S. (2015): Biomorphological association and path analysis in sunflower (*Helianthus annuus* L.). *Helia*, 38 (63), pp. 189-199, DOI: 10.1515/helia-2015-0004.
18. Yang, C., Tang, D., Zhang, L., Liu, J., Rong, T. (2015): Identification of QTL for ear row number and two-ranked versus many-ranked ear in maize across four environments. *Euphytica*, 206 (1), pp. 33-47, DOI: 10.1007/s10681-015-1466-4.
19. Rigon, J.P.G., Rigon, C.A.G., Capuani, S. (2014): Quantitative descriptors and their direct and indirect effects on corn yield [Descritores quantitativos e seus efeitos diretos e indiretos na produtividade do milho]. *Bioscience Journal*, 30 (2), pp. 356-362.

20. Barrero Farfan, I.D., Murray, S.C., Labar, S., Pietsch, D. (2013): A multi-environment trial analysis shows slight grain yield improvement in Texas commercial maize. *Field Crops Research*, 149, pp. 167-176, DOI: 10.1016/j.fcr.2013.04.0.

Bocanski J., Sreckov Z., Nastasic A., Ivanovic M., Djalovic I., Vukosavljev M. (2010): Mode of inheritance and combining abilities for kernel row number, kernel number per row and grain yield in maize (*Zea mays* L.). *Genetika*, 42 (1) , pp. 169-176.

Цитиран у:

1. Masood, S.M., Towfiq, S.I. (2022): COMBINING ABILITY AND GENE ACTION FOR SOME MAIZE INBRED LINES USING HALF DIALLEL CROSSING AT TWO LOCATIONS DURING TWO SEASONS [القدرة على الائتلاف والفعل الجيني لبعض السلالات في الذرة الصفراء بأستعمال]. *Iraqi Journal of Agricultural Sciences*, 53 (5), pp. 1223-1234, DOI: 10.36103/ijas.v53i5.1636.

2. Sunday, I., Babatunde, A., Stephen, A., Charity, A., Kayode, O. (2020): Gene action in low nitrogen tolerance and implication on maize grain yield and associated traits of some tropical maize populations. *Open Agriculture*, 5 (1), pp. 801-805, DOI: 10.1515/opag-2020-0076

3. Silva-Díaz, R., García-Mendoza, P., Faleiro-Silva, D., De Souza, C.L. (2018): Estimation of variance components and genetics parameters in a segregating population of tropical maize [Determinación de componentes de la varianza y parámetros genéticos en una población segregante de maíz tropical]. *Bioagro*, 30 (1), pp. 67-77.

4. Boćanski, J., Nastasić, A., Stanisavljević, D., Srećkov, Z., Mitrović, B., Treskić, S., Vukosavljev, M. (2011): Biplot analysis of diallel crosses of NS maize inbred lines. *Genetika*, 43 (2), pp. 277-284, DOI: 10.2298/GENSR1102277B.

5. Srdić, J., Pajić, Z., Filipović, M., Babić, M., Sečanski, M. (2011): Inheritance of ear yield and its components in sweet corn (*Zea mays* L. saccharat). *Genetika*, 43 (2), pp. 341-348, DOI: 10.2298/GENSR1102341S.

6. Živanović, T., Branković, G., Radanović, S. (2010): Combining abilities of maize inbred lines for grain yield and yield components. *Genetika*, 42 (3), pp. 565-574, DOI: 10.2298/GENSR1003565Z.

Значај радова

Публиковани радови припадају типу експерименталних радова из области биотехничких наука и настали су највећим делом као резултат спроведених експеримената у области генетике и оплемењивања биљака. Резултати ових истраживања публиковани су у

часописима и скуповима међународног и националног значаја, и одбрањеној докторској дисертацији. Истраживања су фокусирана на проучавање отпорности баштенских ружа на ниске температуре, методологији и алатима за примену маркер-асистираних селекција.

Претходна сазнања о механизмима наслеђивања особина ружа су била лимитирана и махом су се односила на диплоидне руже. Већина савремених сорти баштенских ружа је тетраплоидна и компликована генетика полиплоида у комбинацији са оскудним сазнањима о механизмима наслеђивања је онемогућавала ширу примену маркер-асистираних селекција. Развијајући методе за развој високополиморфних сетова маркера (радови 3, 4 и 17) и квантификацију дозе алела (рад 11) је имала значајног удела у обезбеђивању примарног сета алата за увођење молекуларних маркера у процес селекције. Поред алата кандидат се бавила проучавањем диверзитета савремених сорти ружа и интрогресијом особина (рад 5), а пре свега отпорности на ниске температуре и различитим механизмима адаптације на исту (рад 28).

Као финални резултат истраживања генерисана је густа генетска мапа са мапираним QTL-овима за особине од интереса (радови 2 и 28,). Снага маркер-асистираних селекција је практично је представљена у раду 10, где је описан процес стварања јестивих ружа применом маркер-асистираних селекција. Тренд увођења нових употребних вредности ружа је настављен и селекцијом сорти погодних за унапређење екосистема и привлачење полинатора (рад 1). Поред изучавања ружа, др Мирјана Вукосављевић је проучавала генетичке варијабилности популација кукуруза (радови 6, 8, 9, 13 и 21) и пшенице (радови 7, 12, 14, 15, 16, 19, 20, 22, 23, 24 и 26) као основе за оплемењивање високоприносних хибрида и сорти.

Прикупљањем и проучавањем домаће и стране литературе извршена је синтеза бројних сазнања о механизмима наслеђивања особина ружа, пре свега отпорности према ниским температурама. Резултати ових истраживања могу допринети унапређењу оплемењивачког процеса и увођењу маркер-асистираних селекција пре свега код ружа, али и код полиплоидних врста уопштено. Добијени резултати могу значајно скратити процес стварања нових сорти, који је код ружа неизвестан и траје 6-8 година, али исто тако и увести концепт predictive breeding.

Допринос кандидата реализацији коауторских радова

Значај радова

КВАЛИТАТИВНИ ПОКАЗАТЕЉИ

1. ПОКАЗАТЕЉИ УСПЕХА У НАУЧНОМ РАДУ

1.1 Награде и признања за научни рад

/

1.2 Уводна предавања на конференцијама и друга предавања по позиву

/

1.3 Чланства у одборима међународних научних конференција и одборима научних друштава

/

1.4 Чланства у уређивачким одборима часописа, уређивање монографија, рецензије научних радова и пројеката

/

2. АНГАЖОВАНОСТ У РАЗВОЈУ УСЛОВА ЗА НАУЧНИ РАД, ОБРАЗОВАЊУ И ФОРМИРАЊУ НАУЧНИХ КАДРОВА

2.1 Допринос развоју науке у земљи

Др Мирјана Вукосављевић се бави експерименталним истраживањима у области - генетика и оплемењивања биљака. Остварила је резултате у пољским огледима и лабораторијским истраживањима, који су публиковани у научним часописима, и на научним скуповима међународног карактера.

У својим истраживањима др Мирјана Вукосављевић изучава аспекте практичне примене маркер-асистираних селекција и отпорност ружа према а/биотичким факторима. Истраживања су фокусирана на проучавање отпорности сорти баштенских ружа на температурне екстреме. Истраживачки рад био је усмерен на генетику, оплемењивање, механизме отпорности биљака, нутритивне вредности активних компоненти ружа. Резултати истраживања у оквиру објављених радова могу наћи примену у програму оплемењивања генотипова ружа на ниске температуре и имплементацију маркер-асистираних селекција.

2.2 Менторство при изради магистарских и докторских радова, руковођење специјалистичким радовима

/

2.3 Педагошки рад

Током мастер студија, а као стипендиста Министарства просвете, науке и технолошког развоја, била је ангажована на Катедри за генетику и оплемењивање биљака као сарадник у настави за држање вежби из предмета Генетика за студенте биолошких смерова Пољопривредног факултета у Новом Саду.

2.4 Међународна сарадња

2.4.1 Руковођење пројектима, потпројектима и задацима

Др Мирјана Вукосављевић је руководила радним пакетима на три међународна пројекта:

1. **Назив пројекта:** Geurende bloemblaadjes en gezonde rozenbottels als basis voor smaakvolle salads, heerlijke fruit-delicatessen en nieuwe kansen in de rozen-keten (MIT TU14317)

Финансиран од: SME Innovation Stimulation Region and Top Sector (MIT),
Холандија.

Период: 2014-2017

Руководилац: Р. Сох

2. **Назив пројекта:** Breeding outdoor roses with a focus on essential oil compounds for citysumers and the processing industry

Финансиран од: Фонда за развој покрајине Лимбург, Холандија

Период: 2016-2018

Руководилац: Р. Сох

3. **Назив пројекта:** Dissection of Disease Resistance in Roses

Финансиран од: ТКІ фонд Владе Холандије

Период: 2019-2023

Руководилац: др Р. Arens

2.4.2 Учешће на међународним пројектима:

Назив пројекта: High Performance Roses: a new impulse for garden roses by molecular marker technology

Финансиран од: ТТИ фонд Владе Холандије

Период: 2009-2013

Руководилац: др М.Ј.М. Smulders

Назив пројекта: A genetic analysis pipeline for polyploid crops

Финансиран од: ТТИ-Green Genetics, USDA-RosBreed I, the Centre for Biosystems Genomics.

Период: 2013-2017

Руководилац: др С. Maliepaard

Назив пројекта: Geurende bloemblaadjes en gezonde rozenbottels als basis voor smaakvolle salads, heerlijke fruit-delicatessen en nieuwe kansen in de rozen-keten (MIT TU14317)

Финансиран од: SME Innovation Stimulation Region and Top Sector (MIT), Холандија.

Период: 2014-2017

Руководилац: Р. Сох

Назив пројекта: Breeding outdoor roses with a focus on essential oil compounds for citysumers and the processing industry

Финансиран од: Фонда за развој покрајине Лимбург, Холандија

Период: 2016-2018

Руководилац: Р. Сох

Назив пројекта: Dissection of Disease Resistance in Roses

Финансиран од: ТКІ фонд Владе Холандије

Период: 2019-2023

Руководилац: др Р. Arens

2.5 Организација научних скупова

/

3. ОРГАНИЗАЦИЈА НАУЧНОГ РАДА

3.1 Руковођење научним пројектима, потпројектима и задацима

Др Мирјана Вукосављевић је руководила радним пакетима на три међународна пројекта:

- 1. Назив пројекта:** Geurende bloemblaadjes en gezonde rozenbottels als basis voor smaakvolle salads, heerlijke fruit-delicatessen en nieuwe kansen in de rozen-keten (MIT TU14317)

Финансиран од: SME Innovation Stimulation Region and Top Sector (MIT),
Холандија.

Период: 2014-2017

Руководилац: Р. Сох

- 2. Назив пројекта:** Breeding outdoor roses with a focus on essential oil compounds for citysumers and the processing industry

Финансиран од: Фонда за развој покрајине Лимбург, Холандија

Период: 2016-2018

Руководилац: Р. Сох

- 3. Назив пројекта:** Dissection of Disease Resistance in Roses

Финансиран од: ТКІ фонд Владе Холандије

Период: 2019-2023

Руководилац: др Р. Arens

3.2 Примењеност у пракси кандидатових технолошких пројеката, патената, иновација и других резултата

Др Мирјана Вукосављевић је у свом досадашњем научно-истраживачком раду остварила резултате који имају значајан допринос у увођењу и унапређењу маркер-асистираних селекција код полиплоидних врста, а пре свега ружа. Предуслов за рутинску примену молекуларних маркера у процесу оплемењивања је постојање специфичне “инфраструктуре”, алати: генетских мапа, маркера, и основних сазнања о законитостима наслеђивања. Резултати истраживања се могу применити при идентификацији и селекцији отпорних генотипова и у процесу стварања нових сорти.

3.3 Руковођење научним и стручним друштвима

/

3.4 Значајне активности у комисијама и телима Министарства науке и телима других министарстава везаних за научну делатност

/

3.5 Руковођење научним институцијама

/

4. КВАЛИТЕТ НАУЧНИХ РАЗУЛТАТА

АНАЛИЗА ОБЈАВЉЕНИХ РАДОВА

а) Утицајност кандидатових научних радова

Научни резултати др Мирјане Вукосављев су потврђени тако што су цитирани у међународним публикацијама.

Према бази Scopus укупна цитираност објављених радова кандидата др Мирјане Вукосављев у референтним међународним часописима износи 159, од којих је 129 хетероцитата. Према истој индексној бази Хиршов индекс кандидата износи 6.

б) Позитивна цитираност кандидатових радова

У часописима на SCI листи радови др Мирјане Вукосављев су позитивно цитирани **159** пута и то: **93** пута у врхунском међународном часопису (M21), **13** пута у истакнутим међународним часописима (M22), **53** пута у међународном часопису из категорије M23; **16** пута у радовима на скуповима међународног значаја штампаних у целини (M33); **три** пута у докторским дисертацијама (M70).

ц) Углед и утицајност публикација у којима су кандидатови радови објављени

Радови др Мирјане Вукосављев су цитирани у врхунским међународним часописима (M21) и то у: AoB Plants [IF-3.138], Bioinformatics [IF-6.93], Bioscience Journal [IF-10.1], Biotechnology Advances [IF-17.68], BMC Genomics [IF-4.4], BMC Plant Biology [IF-5.3], Critical Reviews in Plant Sciences [IF-6.9], Ecology and Evolution [IF-3.167], Frontiers in Genetics [IF-3.7], Frontiers in Plant Science [IF-5.6], Heredity [IF-3.83], Horticulturae [IF-3.1], Horticulture Research [IF-8.7], Industrial Crops and Products [IF-6.449], Journal of experimental botany [IF-6.9], Journal of Integrative Agriculture [IF-4.8], Molecular Breeding [IF-3.297], Molecular Ecology Resources [IF-8.678], Molecules [IF-4.927], Nature and Science [IF-4.6], Nature Plants [IF-17.352], Nucleic acids research [IF-19.16], Physiology and Molecular Biology of Plants [IF-3.023], Plant Biotechnology Journal [IF-13.263], Plant Cell Reports [IF-4.964], Plant Cell, Plant Methods [IF-5.827], Plant Physiology [IF-8.005], Plant Physiology and Biochemistry [IF-5.437], Plant Science [IF-5.363], Plants [IF-4.658], PloS one [IF-3.7], Scientific Reports [IF-4.6], The Journal of Scientific and Engineering Research [IF-6.197], The plant Journal [IF-7.2], The Plant journal : for cell and molecular biology [IF-7.091], Theoretical and Applied Genetics [IF-5.4], у истакнутим међународним часописима (M22): Breeding Science [IF-2.01], Crop Science [IF-2.3], Fishes [IF-2.4], Genetic Resources and Crop Evolution [IF-2.0], Journal of Biological Research [IF-2.576], Journal of Essential Oil Bearing Plants [IF-1.971], Journal of Plant Breeding [IF-2.536], Tissue and Organ Culture [IF-2.726], Plant Molecular Biology Reporter [IF-1.816], Plant Systematics and Evolution [IF-1.664], The Journal of Horticultural Science and Biotechnology [IF-1.918], Tree Genetics & Genomes [IF-2.398], Agronomy Journal [IF-2.65],

Journal of insect science [IF-1.325], Euphytica [IF-1.9], и међународним часописима категорије M23: Biochemical Systematics and Ecology [IF-1.462], Biotechnology & Biotechnological Equipment [IF-1.4], Applied Ecology and Environmental Research [IF-0.816], Genetics and molecular research [IF-0.765], Journal of Plant Breeding and Crop Science [IF-0.7].

д) Ефективни број радова и број радова нормиран на основу броја коаутора

Др Мирјана Вукосављевић је у свом досадашњем раду публиковала **28** библиографских јединица, од којих је посебно значајно **пет** радова у врхунском међународном часопису (M21), од којих је на три први аутор. Импакт фактори референтних научних часописа у којем је кандидат објавила радове: Molecular Ecology Resources [IF-5.298], Frontiers in Plant Science [IF-4.495], Horticulture Research [IF-4.28], Horticulturae [IF-2.923] и Scientia Horticulturae [IF-1.827].

Од **27** публикованих научних радова, кандидат је први аутор на **осам** радова од чега је на три рада у врхунском међународном часопису M21, На међународним научним скуповима презентovala је 6 радова. У категорији водећих часописа националног значаја има осам радова. Научни радови где је кандидат први коаутор или коаутор су цитирани 159 пута на међународном нивоу, у формама хетероцитата и аутоцитата.

Кандидат Др Мирјана Вукосављевић је публиковала укупно 26 радова у коауторству. Просечан број аутора по раду за наведену библиографију, без докторске дисертације, кандидата др Мирјане Вукосављевић износи 6,23. С обзиром да је у реализацији рада бр. 2 било укључено преко 7 аутора (11 аутора) извршена је корекција вредности поена тако што су нормирани према формули $K/(1+0,2(n-7))$, $n>7$, тј. $8/(1+0,2(11-7))=4,44$. У реализацији рада бр. 3 било је укључено преко 7 аутора (13 аутора), тако да је извршена корекција вредности поена тако што су нормирани према формули $K/(1+0,2(n-7))$, $n>7$, тј. $8/(1+0,2(13-7))=3,63$. У реализацији рада бр. 5 било је укључено преко 7 аутора (8 аутора), тако да је извршена корекција вредности поена тако што су нормирани према формули $K/(1+0,2(n-7))$, $n>7$, тј. $8/(1+0,2(8-7))=6,66$. У реализацији рада бр. 10 било је укључено преко 7 аутора (8 аутора), тако да је извршена корекција вредности поена тако што су нормирани према формули $K/(1+0,2(n-7))$, $n>7$, тј. $1/(1+0,2(8-7))=0,83$. У реализацији рада бр. 17 било је укључено преко 7 аутора (18 аутора), тако да је извршена корекција вредности поена тако што су нормирани према формули $K/(1+0,2(n-7))$, $n>7$, тј. $2/(1+0,2(18-7))=0,62$.

Сви публиковани радови припадају типу експерименталних радова из области биотехничких наука и настали су највећим делом као резултат спроведених експеримената у области генетике и оплемењивања биљака.

Кандидат има велики допринос у научноистраживачком раду и коауторству публикованих резултата у научним часописима. Показала је висок степен индивидуалне креативности и истовремено висок степен прилагођености и усмерености у тимском раду.

е) Степен самосталности и степен учешћа у реализацији радова у научним центрима у земљи и иностранству

На основу досадашњег научно истраживачког рада, који је претежно фокусиран на проучавање механизма наслеђивања особина код ружа, др Мирјана Вукосављевић је показала висок степен самосталности, који се огледа у способности опажања и сагледавања

актуелне научне проблематике, постављања научних хипотеза, осмишљавања, планирања и извођења теренских и лабораторијских истраживања, као и интерпретацији и публикавању резултата истраживања. Оспособила се за самостално планирање и спровођење експеримената, коришћење аналитичких метода, систематизацију експерименталних резултата, статистичку обраду података истраживачког рада, презентацију резултата и писање и публикавање научно-истраживачких резултата.

Поред успешно одбрањене докторске дисертације, остварени резултати научно-истраживачког рада др Мирјане Вукосављев до сада су објављени у 27 радова од којих пет припадају категорији M21. Укупан збир бодова, који укључује све публикације износи 73,38 што је изнад минималних квантитативних критеријума за избор у предложено звање дефинисано Правилником о стицању истраживачких и научних звања према коме је потребно укупно 16 бодова. Према бази Research Gate објављени радови кандидата су цитирани у референтним међународним часописима 416 пута, од којих је 408 хетероцитата, што представља допринос науци и битан показатељ квалитета рада кандидата.

Успешно је сарађивала са колегама са Департмана за оплемењивање биљака Универзитета у Вагенингену и ILVO Института из Белгије.

ИСПУЊЕНОСТ УСЛОВА ЗА СТИЦАЊЕ ЗВАЊА

ЕЛЕМЕНТИ ЗА КВАНТИТАТИВНУ ОЦЕНУ НАУЧНОГ ДОПРИНОСА

Кандидат др Мирјана Вукосављев се успешно бави научним радом који се огледа у објављеним публикацијама у високо ранжираним међународним часописима. Кандидат је објавила 9 радова са SCI листе (категирије M21, M23 и M24) и тиме у категорији M20 остварила вредност резултата која износи 42,73. Узимајући у обзир сву достављену библиографску документацију, остварила је укупну вредност научних резултата од 73,38 поена.

На основу библиографије кандидата, Комисија је разврстала све резултате и табеларно их приказала:

Сумарни преглед вредности индикатора научне компетентности

Ознака групе	Вредност коефицијента М	Број резултата до покретања поступка за избор у звање Научни сарадник	Вредност резултата до покретања поступка за избор у звање Научни сарадник
М-21	8,0	5	30,73
М-23	3,0	3	9,0
М-24	3,0	1	3,0
М-33	1,0	2	1,83
М-34	0,5	4	2,0
М-43	3,0	1	3,0
М-51	2,0	8	14,62
М-52	1,5	2	3,0

М-64	0,2	1	0,2
М-70	6,0	1	6,0
Укупно		28	73,38

Укупне вредности коефицијената М који је остварила др Мирјана Вукосављевић за избор у звање НАУЧНИ САРАДНИК (НС)

Категорије		Потребно за звање НС	Остварено за звање НС
Научни сарадник	Укупно	16	73,38
Обавезни (1)	М10+М20+М31+М32+М33+М41+М42+М51+М80+М90+М100	9,0	56,88
Обавезни* (2)	М21+М22+М23	5,0	39,73

На основу постигнутих збирних резултата Комисија је установила да је др Мирјана Вукосављевић остварила више бодова у обе обавезне категорије диференцијалних услова и укупан збир бодова и тиме испунила квантитативне услове за избор у звање научни сарадник.

ОЦЕНА КОМИСИЈЕ О НАУЧНОМ И УКУПНОМ ДОПРИНОСУ КАНДИДАТА

Др Мирјана Вукосављевић је завршила основне студије на Природно-математички факултет, Департман за биологију и екологију, Универзитета у Новом Саду са просечном оценом 8,86, а мастер студије са просечном оценом 9,67 на Пољопривредном факултету Универзитета у Новом Саду. Докторску дисертацију под насловом “ У сусрет примени маркер-асистираног оплемењивања баштенских ружа: од развоја маркера до детекције QTL-ова“ (“ Towards marker-assisted breeding in garden roses: from marker development to QTL detection“) је одбранила на Универзитету Вагенинген, на Департману за оплемењивање биљака, у.н.о. генетика и оплемењивање биљака и стекла титулу доктор биотехничких наука.

До сада, поред докторске дисертације, кандидаткиња је публиковала 27 научних радова од којих: пет радова у категорији М21 – Рад у врхунском међународном часопису: три као први аутор и два као коаутор; у категорији М23 – рад у међународном часопису: три рада као коаутор; у категорији М24 – рад у часопису међународног значаја верификованог посебном одлуком: један рад као коаутор; и једну публикацију у категорији М43- Монографска библиографска публикација или монографска студија.

На међународним скуповима презентовала је два пута док је на четири излагања кандидат била коаутор. Кандидат је објавила као први аутор и аутор за комуникацију један рада и седам радова као коаутор у категорији М51 – Рад у водећем часопису националног значаја, два рада саопштена на скупу међународног значаја штампана у целини (М33) и четири рада саопштена на скупу међународног значаја штампана у изводу (М34). Објављени радови кандидата су цитирани у референтним међународним часописима 159

пута, од којих је 129 хетероцитата, што представља допринос науци и битан показатељ квалитета рада кандидата.

Укупна вредност показатеља научне компетентности кандидата др Мирјана Вукосављевић је **73,38** (неопходно је 16,0) а од тога у обавезној групи радова за категорије M10+M20+M31+M32+M33+M41+M42+M51+M80+M90+M100 је остварила **56,88** (неопходно је 9,0 поена) а у обавезној групи радова из категорије M21+M22+M23 је остварила 39,73 поена (неопходно је 5,0 поена).

У свом досадашњем научно-истраживачком раду је остварила резултате који имају значајан допринос разумевању механизма наслеђивања особина тетраплоидних ружа. Поред тога, истраживања су обухватала развој алата за примену маркер-асистираних селекција, укључујући: молекуларне маркере, методологију за квантификацију дозе алела, генетске мапе и QTL-ове. Резултати истраживања у оквиру објављених радова могу наћи примену у унапређењу и убрзавању процеса оплемењивања ружа, пре свега на отпорност на ниске температуре и висок садржај нутритивних компоненти.

Др Мирјана Вукосављевић је дала допринос у научно-истраживачком раду и коауторству публикованих резултата у научним часописима, који су значајни у области молекуларне генетике и оплемењивања биљака. Показала је висок степен индивидуалне креативности и истовремено висок степен прилагођености и усмерености у тимском раду.

Кандидат је у току свог досадашњег научно-истраживачког рада показала самосталност у осмишљавању, организацији и реализацији истраживања, као и обради и интерпретацији добијених резултата. Поред одбрањене докторске дисертације, кандидат је резултате осталих истраживања систематски обрадила, анализирали, објаснила и представила у утицајним међународним часописима и саопштењима на међународним скуповима.


На основу прегледа и оцене остварених резултата у досадашњем научно-истраживачком раду кандидата, Комисија је установила да је др **Мирјана Вукосављевић** испунила све Законом прописане услове за избор у звање **научни сарадник**.

МИШЉЕЊЕ И ПРЕДЛОГ

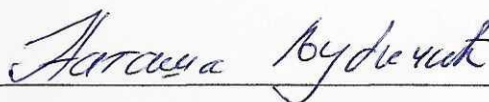
На основу анализе остварених резултата и укупне научне-истраживачке активности др Мирјане Вукосављевић, Комисија је установила да кандидат др Мирјана Вукосављевић испуњава све Законом дефинисане услове и све критеријуме у Правилнику о поступку и начину вредновања и квантитативном исказивању научно-истраживачких резултата, за избор у звање научни сарадник. Комисија једногласно предлаже Научном већу Института за ратарство и повртарство, Института од националног значаја за Републику Србију да утврди предлог за избор др **Мирјане Вукосављевић** у звање **научни сарадник** за област **Биотехничке науке**, за грану науке Пољопривреда и ужу научну област Генетика и оплемењивање биљака и да предлог упути Матичном научном одбору за биотехнологију и пољопривреду и Комисији за стицање научних звања Министарства просвете, науке и технолошког развоја Републике Србије да изабере кандидата др Мирјану Вукосављевић у звање научни сарадник.

У Новом Саду, 13.03.2024.

ЧЛАНОВИ КОМИСИЈЕ:



Академик МИАНУ, проф. др **Вера Поповић**,
Научни саветник, НО: биотехничке науке, Институт
за ратарство и повртарство, Нови Сад, Председник
Комисије



Др **Наташа Љубићић**, Виши научни сарадник, НО:
биотехничке науке, Биосенс Институт, Нови Сад,
члан Комисије



Др **Велимир Лончаревић**, Научни сарадник, НО:
биотехничке науке, Институт за ратарство и
повртарство, Нови Сад, члан Комисије