

ИЗБОРНОМ ВЕЋУ

Предмет: Реферат комисије о пријављеним кандидатима за избор у звање ДОЦЕНТА за ужу научну област МАТЕМАТИКА на одређено време од 5 година

На основу одлуке Изборног већа Машинског факултета број 1843/3 од 25.08.2016. године, а по објављеном конкурс за избор једног НАСТАВНИКА у звању ДОЦЕНТА на одређено време од 5 година са пуним радним временом за ужу научну област МАТЕМАТИКА, именовани смо за чланове Комисије за подношење реферата о пријављеним кандидатима.

На конкурс који је објављен у листу „Послови” број 689 од 31.08.2016. године пријавио се један кандидат и то др Даворка Јандрлић, дипломирани математичар.

На основу прегледа достављене документације број 1928/1 од 06.09.2016. године констатујемо да кандидат др Даворка Јандрлић, дипломирани математичар испуњава услове конкурса.

О кандидату др Даворки Јандрлић подносимо следећи

РЕФЕРАТ

А. Биографски подаци

Др Даворка Јандрлић, дипломирани математичар рођена је у Дубровнику, 12.02.1981. године. Основну школу „Милан Вуковић” и гимназију „Иван Горан Ковачић” завршила је у Херцег Новом са одличним успехом. Школске 1999/2000. године уписала је Математички факултет у Београду, смер Рачунарство и информатика, и дипломирала 02.03.2004. године са просечном оценом 9.10. Школске 2004/2005. године је уписала магистарске студије на Математичком факултету, смер Рачунарство и информатика. Последипломске магистарске студије је завршила 2010. године одбраном магистарске тезе под насловом „Примена техника истраживања података на одређивање корелације између неуређених и антигених региона протеина” под руководством проф. др Ненада Митића, са просечном оценом на магистарским студијама 10.00. Докторску дисертацију је одбранила 15.07.2016. године на Математичком факултету у Београду под насловом: „Примена правила придруживања и метода подржавајућих вектора за предвиђање T ћелијских епитопа”, под руководством проф. др Ненада Митића. Од 2004. до 2005. радила је као истраживач–сарадник у Иновационом центру Машинског и Електотехничког факултета

у Београду. Од 2005. је запослена на Машинском факултету Универзитета у Београду као асистент приправник решење број 112/2, а од 2010. као асистент на Катедри за Математику Машинског факултета Универзитета у Београду решење број 11/105 и 556/6 за реизбор 2012. године. Учествовала је у извођењу наставе на основним и мастер студијама из предмета: Програмирање, Рачунарски алати, С-С++, Веб пројектовање у машинству и Објектно оријентисано програмирање и Јава. У претходном периоду је учествовала на пројектима: *Интерактивна мултимедијална настава и развијање концепта distance learning*, иновациони пројекат, 2004–2005, *Модуларни софтверски пакет за димензионисање и праћење рада процесних апарата*, пројекат технолошког развоја, 2005–2007, *Модуларни софтверски пакет за дигитализацију текста са мултијезичким интерфејсом*, иновациони пројекат, 2006. Тренутно је истраживач на пројекту *Методe нумеричке и нелинеарне анализе са применама*, бр. 174002, из групе основних истраживања, који финансира Министарство просвете и науке Републике Србије. Основне области интересовања су јој примењена математика, развој и примена техника истраживања података и машинског учења, биоинформатика и базе података. Аутор је и коаутор преко петнаест научних и стручних радова у међународним и домаћим часописима, од којих су четири рада на SCI листи. Учествовала је на више међународних и домаћих конференција.

Б. Магистарски рад и докторска дисертација

1. Магистарску тезу под називом „Примена техника истраживања података на одређивање корелације између неуређених и антигених региона протеина”, одбранила је 14.07.2010. године под менторством проф. др Ненада Митића на Математичком факултету, Универзитет у Београду. На основу чега јој је издата диплома о стручном називу Магистар рачунарства под редним бројем 3610.
2. Докторску дисертацију под називом „Примена правила придруживања и метода подржавајућих вектора за предвиђање T ћелијских епитопа”, одбранила је 15.07.2016. године под менторством проф. др Ненада Митића на Математичком факултету, Универзитет у Београду. На основу чега јој је 18.07.2016. под бројем 227/9–12 издато уверење о стручном називу Доктор рачунарства.

В. Наставна активност

Током асистентског стажа на Машинском факултету Универзитета у Београду на Катедри за Математику учествовала је у настави основних академских студија, на предметима:

- Програмирање, Рачунарски алати, Веб пројектовање у машинству, Објектно оријентисано програмирање и Јава.

На Модулу за Информационе технологије, Машинског факултета Универзитета у Београду, учествовала је у настави мастер академских студија, на предмету:

- С-С++.

Оцене студентског вредновања педагошког рада према приложеним анкетама (просечне оцене) су:

- Програмирање - 4.63,
- Рачунарски алати - 4.36,
- Веб пројектовање у машинству - 4.70.

Г. Библиографија научних и стручних радова

Девојачко презиме кандидата др Даворке Јандрлић је Голубовић.

Г1. Категорија М20

Радови у врхунским међународним часописима (М21)

(укупно 1)

1. **Jandrlić, D. R.**, Lazić, G. M., Mitić, N. S., Pavlović, M. D., *Software tools for simultaneous data visualization and T cell epitopes and disorder prediction in proteins*, J Biomed Inform, 2016, Volume 60, Page 120-131, doi: 10.1016/j.jbi.2016.01.016, **IF 2.447**

Радови у међународним часописима (М23)

(укупно 3)

2. Radenović S., Kadelburg Z., **Jandrlić D.**, Jandrlić A., *Some results on weakly contractive maps*, Bulletin of the Iranian Mathematical Society, 2012, Volume 38, Issue 3, Page 625-645, **IF 0.223**
3. Mitić, S. N., Pavlović, D. M., **Jandrlić, R. D.**, *Epitope distribution in ordered and disordered protein regions – part A. T–cell epitope frequency, affinity and hydrophathy*, J Immunol Methods, 2014, Volume 406, Page 83-103, doi: 10.1016/j.jim.2014.02.012, **IF 1.820**
4. Pavlović, D. M., **Jandrlić, R. D.**, Mitić, S. N., *Epitope distribution in ordered and disordered protein regions. Part B – Ordered regions and disordered binding sites are targets of T– and B–cell immunity*, J Immunol Methods, 2014, Volume 407, Page 90-107, doi: 10.1016/j.jim.2014.03.027, **IF 1.820**

Г2. Категорија М30

Радови саопштени на скупу међународног значаја, штампани у целини (М33)

(укупно 6)

5. Radović N., Radaković Z., Đurović A., Sedmak S., Jandrlić A., **Golubović D.**, Zrlić M., Prokić-Cvetković R., Popović O., Milović Lj., Rakin M., Engh E., *Welders passport-program structure and application*, Proc. of the 1st South – East European Welding Congress, Welding and joining technologies for a sustainable development and environment, Timisoara – Romania 24–26. Maj, 2006, pp.260-263. ISBN (10) 973-8359-40-6.
6. Mitić N., Pavlović M., **Jandrlić D.**, Malkov S., *Determining correlation of T–cell epitope location and order/disorder protein structure*, 2nd International Conference „Theoretical Approaches to BioInformation Systems”, Belgrade, Serbia, September 17-22, 2013, pp. 124-146, <http://www.tabis2013.ipb.ac.rs/tabis2013.pdf>, ISBN: 978-86-82441-40-3.

7. Mitić N., Pavlović M., **Jandrlić D.**, *Epitope location in ordered and disordered regions of tumor-associated antigen EBNA 1*, 5th Regional Biophysics Conference, Kladovo, Serbia, 2012. In Proceedings of RBC 2012, September 03–07, pp. 8–11, ISBN: 978-86-904161-1-0.
8. Mitić N., Pavlović M., **Jandrlić D.**, *T cell epitope clustering in protein regions of cancer/testis antigens*, 5th Regional Biophysics Conference, Kladovo, Serbia, 2012. In Proceedings of RBC 2012, September 03-07, pp. 11-13, ISBN: 978-86-904161-1-0.
9. Mitić N., Pavlović M., **Jandrlić D.**, *T cell epitope frequency in ordered and disordered protein regions*, International Meeting on Data Mining in Bioinformatics, Belgrade, Serbia, 2012, June 26–28, pp. 11–14, ISBN: 978-86-7589-085-0.
<http://bioinfo.matf.bg.ac.rs/dmbi2012/files/NCBI2012.Book%20of%20Abstracts.pdf>
10. Pavlović M., Mitić N., **Jandrlić D.**, Beljanski M., *T-cell epitope frequency in ordered and disordered protein regions of tumor-associated antigens*, 11th International Conference on Fundamental and Applied Aspects of Physical Chemistry, Belgrade, Serbia, September 24–28, 2012, pp. 385–387,
http://www.socphyschemserb.org/PC2012_First%20Announcement.pdf

**Радови саопштени на скупу међународног значаја, штампани у изводу (М34)
(Укупно 2)**

11. Mitić N., Pavlović M., **Jandrlić D.**, Kovačević J., Malkov S., Beljanski M., *N-gram analysis of prokaryotic genomes: characteristics and predictions of genomic islands*, Regional Biophysics Conference 2012, Kladovo-Belgrade, Serbia, Book of abstracts, pp. 122. ISBN: 978-86-7589-085-0.
12. **Jandrlić D.**, Mitić N., Pavlović M., *The influence of amino acids physicochemical properties and frequencies on identifying MHC binding ligands*, Belgrade Bioinformatics Conference 2016, Belgrade, Serbia, June 20-24, 2016, pp. 61. ISBN: 978-86-7589-108-6.
http://alas.matf.bg.ac.rs/websites/bioinfo/wp-content/uploads/2015/11/BelBI2016.book_of_abstracts.v3.pdf

Г3. Категорија М50

**Рад у часопису националног значаја (М53)
(Укупно 1)**

- 13 **Jandrlić, D. R.** (2016). The rule based classification models for mhc binding prediction and identification of the most relevant physicochemical properties for the individual allele. University thought - Publication in Natural Sciences, 2016, Volume 6, No 1, Page 60-66, doi:10.5937/univtho6-10768,
<http://aseestant.ceon.rs/index.php/univtho/article/view/10768/4449>

Г4. Категорија М60

**Зборници скупова националног значаја (М63)
(Укупно 1)**

14. Engh E., Đurović A., Radaković Z., Jandrlić A., **Golubović D.**, Zrilić M., *Pasoš zavarivača – razvoj*, Savetovanje „Zavarivanje u reparaturi”, Zlatibor, 2006, Zbornik radova.

Г5. Категорија М70

Одбрањена докторска дисертација М71 (укупно 1)

15. Даворка Р. Јандрлић, *Примена правила придруживања и метода подржавајућих вектора за предвиђање T ћелијских епитона*, Докторска дисертација, Универзитет у Београду, Математички факултет, Београд, 15.07.2016.

Одбрањен магистарски рад М72 (укупно 1)

16. Даворка Р. Јандрлић, *Примена техника истраживања података на одређивање корелације између неуређених и антигених региона протеина*, Магистарски рад, Универзитет у Београду, Математички факултет, Београд, 14.07.2010.

Г6. Уџбеник

17. И.Д. Аранђеловић, Г.М. Лазовић, В.Ч. Шешум, А.Ж. Јандрлић, **Д.Р. Голубовић**, *Увод у FORTRAN*, ВЕДЕС, Београд 2006, ISBN: 86-7824-030-X

Учешће на пројектима које финансира Министарство просвете, науке и технолошког развоја републике Србије (Укупно 6)

1. *Методи нумеричке и нелинеарне анализе са применама*, Број пројекта: 174002 (2011 –)
2. *Модуларни софтверски и пакет за димензионисање и праћење рада процесних апарата*, Пројекат технолошког развоја (2005-2007); Број пројекта: TR-6232Б
3. *Модуларни софтверски пакет за дигитализацију текста са мултијезичким интерфејсом*, Иновациони пројекат (2006); Број пројекта: IP06-8061
4. *Интерактивна мултимедијална настава и развијање концепта distance learning*, Иновациони пројекат (2004/05).

Учешће у међународним пројектима (Укупно 2)

1. *E!2774 TГ2 Welders certificates (Сертификати заваривача)*, Машински факултет у Београду, Технолошко-металуршки факултет у Београду, QM Soft – Норвешка.
2. *E!2774 TГ4 Welders Passport Specification, (Пасош заваривача)*, Машински факултет у Београду, Технолошко-металуршки факултет у Београду, QM Soft – Норвешка.

Д. Приказ радова

Магистарски рад

Магистарски рад припада рачунарским наукама - област истраживање података. Имуни систем штити од болести, вируса, инфекција, ... Зашто и када имуни систем заказује могуће је симулирати унапређеним моделом имуног система и анализирањем везе између патогена и домаћина. Предмет рада је симулирање једног дела рада имуног система. Најважнији задатак овог модела је проналажење делова протеина – антигена које имуни систем препознаје и индукује имуни одговор. У оквиру рада су коришћени програми које је развила данска група информатичара за препознавање тих региона NetMhcPan и NetMhciiPan. Прикупљени су подаци о неуређеним регионима у протеину из јавно доступне базе Disprot, која садржи експериментално утврђене неуређене регионе. Подаци су допуњени и неуређеним регионима добијеним програмом за предвиђање VSL2. За обраду прикупљених протеина, пропуштање кроз програме за предвиђање неуређених и антигених региона, визуелни и упоредни приказ наведених региона, аутоматизовано извршавање програма као и складиштење добијених резултата у сврху даљег истраживања, развијена је апликација названа EPDIS. Направљени су модели за демографско кластеровање и добијање основних статистика о расподели антигених региона у неуређеним структурама протеина. Такође, направљени су модели за неуронско кластеровање који су боље прецизности, тачност модела је 0.967, сличност слогова у кластеру је већа као и „удаљеност” кластера.

Докторска дисертација

Предмет докторске дисертације припада рачунарским наукама – област истраживања података. Тема рада повезује истраживање података и биоинформатику и везана је за конструкцију модела за предвиђање Т-ћелијских епитопа помоћу метода подржавајућих вектора и одређивања правила придруживања. Т-ћелијски епитопи се користе у имунотерапијама и вакцинама које су засноване на пептидима. Њихово идентификовање има кључну улогу у разумевању функционисања имуног система човека. Експерименталне методе за препознавање Т-ћелијских епитопа су веома скупе и временски захтевне. Због тога је јако значајан развој нових математичких и рачунарских модела и метода који скраћују време обраде и повећавају прецизност одређивања позиције Т-ћелијских епитопа у протеинима. У дисертацији је представљена нова метода помоћу које може да се повећа прецизност одређивања позиције Т-ћелијских епитопа у протеинима у односу на постојеће методе које се користе у те сврхе. Метода је заснована на две врсте машина заснованих на подржавајућим векторима. У раду је такође приказана и употреба правила придруживања на одређивање односа Т-ћелијских епитопа и уређених/неуређених региона протеина.

Научни радови у часописима

У раду [1] је описан ново развијени софтверски систем направљен за потребе истраживања везаних за Т-ћелијске епитопе, неуређене регионе у протеину и одређивање хидропатије протеинских региона. Једноставно се може проширити и методама за предвиђање других карактеристика протеина. Систем као целина омогућује (полу)аутоматизовану инсталацију изабраног

скупа предиктора, примену одабраног скупа предиктора на појединачан протеин или на произвољан скуп протеина (масовна примена), чување добијених резултата у различитим форматама погодним за даљу обраду, као и визуелни приказ резултата. Компоненте система могу да се позивају преко GUI-а или преко командног интерфејса. Систем чине међусобно независне компоненте које обезбеђују: интерфејс за унос података, обраду протеинских секвенци одређивањем T-ћелијских епитопа различите дужине позивањем неког од подржаних предиктора, обраду протеинских секвенци одређивањем уређених/неуређених региона позивом неког од подржаних програма за предикцију структуре протеина, израчунавање индекса хидропатије за протеинске регионе различите дужине, аутоматизовано извршавање свих метода за предвиђање, серијски или паралелно. У раду [2] је доказано више нових резултата веома значајних за општу теорију фиксне тачке. Такође, у њему је први пут формулисана и доказана лема (Lemma 2.1) коју користе аутори да би проверили кошијевост *Pikarovog* низа при неком контрактивном пресликавању. Иначе, поред наведене леме дати су и остали теоријски резултати. Напоменимо да су сви резултати поткрепљени адекватним примерима у раду. У радовима [3] и [4] извршена је исцрпна биоинформатичка анализа корелације T-ћелијских епитопа и неуређених/уређених региона у протеину добијених постојећим методама за предвиђање. Направљена је база података са предикованим регионима за око 600 протеина из различитих таксономским категорија. Техникама истраживања података су утврђења правила о корелацији наведених региона за све таксономске категорије протеина. Проучавана је статистичка зависност секундарне структуре протеина и T-ћелијских епитопа у односу на фреквенције аминокиселина у протеинској секвенци (одговарајућем региону). Резултати експеримената осветљују важне чиниоце за предвиђање T-ћелијских епитопа. У раду [4] приказана је експериментална потврда резултата добијених у раду [3]. У оквиру истраживања је развијен нови софтверски алат за припрему и складиштење података у релациону базу. У раду [13] су описани нови модели за предвиђање T-ћелијских епитопа. Нови модели су намењени бинарној класификацији T-ћелијских епитопа и засновани су на правилима и техници кластеровања k -срединама. У оквиру рада су нови модели поређени са постојећим алатима за предвиђање T-ћелијских епитопа. Модели развијени у оквиру овог рада су по перформансама и карактеристикама упоредиви са тренутно најбољим постојећим методама заснованим на неуронским мрежама, а у неким случајевима и бољи, и указују на могућност унапређења постојећих алата/предиктора заснованих на математичким моделима и методама машинског учења.

Остали радови

У раду [5] је описан развијени информациони систем који омогућава праћење рада заваривача од почетка његове обуке преко добијања сертификата и његове професионалне каријере све до краја активности у заваривању. Систем је уређен у клијент/сервер архитектури. У радовима од [6] до [12] представљени су резултати добијени применом статистичке анализе, техника истраживања података и метода машинског учења за одређивање карактеристика протеина. Експериментално одређивање карактеристика протеина је скупо, дуготрајно, а често и немогуће у реалном времену због великог броја протеина чије се карактеристике одређују. Због тога је јако значајан развој нових математичких и рачунарских модела, као и примена постојећих, који скраћују време обраде и повећававају прецизност одређивања карактеристика. Карактеристике

протеина које су анализирани у радовима су секундарна структура протеина, T-ћелијски епитопи и хидропатија протеина, као и корелација наведених карактеристика. У радовима [6] до [10] спроведена је статистичка анализа заступљености T-ћелијских епитопа у протеинским регионима који одговарају различитим секундарним структурама протеина и интерпретација резултата спроведене анализе. Карактеристике протеина су утврђене помоћу постојећих предиктора, 7 за неуређене регионе и 2 за T-ћелијске епитопе. Одређени су консензусни региони за секундарну структуру и одређена је дистрибуција учесталости T-ћелијских епитопа у тим регионима. Одређена је и основна дистрибуција фреквенција хидрофобних и хидрофилних региона у протеину, као и дистрибуција фреквенције T-ћелијских епитопа у хидрофобним и хидрофилним регионима. За рачунање хидропатије региона су развијене 2 методе. У раду [11] је представљена метода за предвиђање и одређивање патогених делова „острва” за групу прокариотских генома, заснована на $n - gram$ анализи. У раду [12] су представљени резултати добијени математичким моделовањем једног биолошког процеса, део пута представљања антигена. Први описани модели су засновани на кластеровану методом k -средина, а улазни подаци су представљени у погодном векторском облику. Компоненте вектора су добијене рачунањем инверзне фреквенности компоненти протеинске секвенце $\Delta - BM25 - TFIDF$ техником и укључивањем других карактеристика протеина, физичко хемијских особина. Описани су и модели добијени применом метода поджавајућих вектора са полиномијалним језгром за проблем класификације и радијално заснованим функцијама језгра за проблем регресије.

Цитираност

У наставку реферата приказана је цитираност научних радова без аутоцитата.

Рад [1] је цитиран у

1. Alison Smith, Hugh Manoli, et al., *Unraveling the Effect of Immunogenicity on the PK/PD, Efficacy, and Safety of Therapeutic Proteins*, Journal of Immunology Research, 2016, Article ID 2342187, <http://dx.doi.org/10.1155/2016/2342187>

Рад [2] има 93 цитата, приказано је 10.

1. Rezaei Roshan J., Parvaneh V., Sedghi S. et al., *Common fixed points of almost generalized $(\psi, \varphi)_s$ -contractive mappings in ordered b-metric spaces*, Fixed Point Theory Appl (2013) 2013: 159. doi:10.1186/1687-1812-2013-159
2. Aydi H., Vetro C., Sintunavarat W. et al. Fixed Point Theory Appl (2012) 2012: 124. doi:10.1186/1687-1812-2012-124
3. Mustafa Z., Roshan J.R., Parvaneh V. et al. J Inequal Appl (2013) 2013: 562. doi:10.1186/1029-242X-2013-562
4. Cherichi M. and Samet B., Fixed Point Theory Appl (2012) 2012: 13. doi:10.1186/1687-1812-2012-13
5. Madjid E. G., Maryam R., Yeol Je ChoEmail et al., *A generalization of Geraghty's theorem in partially ordered metric spaces and applications to ordinary differential equations*, Fixed Point Theory and Applications, 2012, 74, doi: 10.1186/1687-1812-2012-74

6. Abd Ghafur, Bin Ahmad, Zaid Mohammed Fadail et al., *Nonlinear Contractions in 0-Complete Partial Metric Spaces*, 2012, <http://dx.doi.org/10.1155/2012/451239>
7. Nashine K. H. and Altun I., *A common fixed point theorem on ordered metric spaces*, Bulletin of the Iranian Mathematical Society Vol. 38 No. 4 (2012), pp 925-934
8. Binayak S. Choudhury, Erdal Karapınar and Amaresh Kundu, *Tripled Coincidence Point Theorems for Nonlinear Contractions in Partially Ordered Metric Spaces*, Journal of Applied Mathematics, 2012, <http://dx.doi.org/10.1155/2012/329298>
9. Wasfi Shatanawi and Ahmed Al-Rawashdeh, *Common fixed points of almost generalized (ψ, ϕ) -contractive mappings in ordered metric spaces*, 2012, doi: 10.1186/1687-1812-2012-80
10. A. Razani and V. Parvaneh, *Coupled Coincidence Point Results for (ψ, α, β) -Weak Contractions in Partially Ordered Metric Spaces*, Journal of Applied Mathematics, 2012, <http://dx.doi.org/10.1155/2012/496103>

Рад [3.] је цитиран у:

1. Andrew J. Guy, Vashti Irani, Christopher A. MacRaidl et al., *Insights into the Immunological Properties of Intrinsically Disordered Malaria Proteins Using Proteome Scale Predictions*, PLoS one, 2015, <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0141729>
2. Abidin R. S., Lua L. H. L., Middelberg A. P. J. et al., *Insert engineering and solubility screening improves recovery of virus-like particle subunits displaying hydrophobic epitopes*, Protein Science, 2015, DOI: 10.1002/pro.2775

Рад [4.] је цитиран у:

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

6. Ricardo Andrez, Machado-de-Ávila, Mariana Velloso et al., *Induction of Neutralizing Antibodies against Mutalysin-II from Lachesis muta muta Snake Venom Elicited by a Conformational B-cell Epitope Predicted by Blue Star Sting Data Base*, Immunome Research, 2014, doi:10.4172/17457580.1000083
7. Yousefi S, Tahmoorespur M, Sekhavati M. *B and T-Cell Epitope Prediction of the OMP25 Antigen for Developing Brucella melitensis Vaccines for Sheep*, IJAS. (2015), pp 629-638.

Ђ. Оцена испуњености услова

На основу увида у конкурсни материјал и навода у реферату, Комисија закључује да кандидат др Даворка Јандрлић, дипломирани математичар има:

- научни степен доктора рачунарства,
- способност за наставни рад коју је показала у току свог досадашњег рада на Машинском факултету у Београду, према приложеним анкетама студената, оцењена је од стране студената просечном оценом анкета 4.58,
- 4 објављена научна рада из категорије М20, од тога 4 рада објављена у часописима реферисаним на SCI листи, три рада категорије М23 и један рад категорије М21,
- укупно 8 радова саопштених на међународним скуповима категорије М30,
- 1 рад објављен у часопису националног значаја, категорија М53,
- има самостални рад,
- учешће у четири домаћа научна пројекта технолошког развоја финансирана од Министарства просвете, науке и технолошког развоја Републике Србије,
- учешће у два међународна пројекта,
- учешће у више домаћих и међународних конференција.

На основу саопштених резултата истраживања у научним и стручним часописима и конференцијама, истраживања спроведених у оквиру научно–истраживачких пројеката, као и резултата остварених у домену педагошких активности констатује се да професионалне компетенције кандидата др Даворке Јандрлић у потпуности припадају ужој научно – стручној и образовној области Математика.

Е. Закључак и предлог

На основу детаљног прегледа наведених и достављених података, комисија констатује да кандидат др Даворка Јандрлић, дипломирани математичар испуњава све научне и стручне критеријуме за избор у звање доцента. Комисија предлаже да се др Даворка Јандрлић, асистент на Катедри за Математику, Машинског факултета, Универзитет у Београду, изабере у звање доцента са пуним радним временом на одређено време од 5 година, за ужу научну област Математика на Машинском факултету, Универзитет у Београду.

У Београду, 30. новембар 2016.

Чланови комисије

1. др Слободан Радојевић, редовни професор
Машински факултет, Универзитет у Београду

2. др Миодраг Спалевић, редовни професор
Машински факултет, Универзитет у Београду

3. др Иван Аранђеловић, редовни професор
Машински факултет, Универзитет у Београду

4. др Александар Цветковић, редовни професор
Машински факултет, Универзитет у Београду

5. др Ненад Митић, ванредни професор
Математички факултет, Универзитет у Београду