

prof. dr. Edina Muratović, redovna profesorica Prirodno-matematičkog fakulteta Univerziteta u Sarajevu, uže naučne oblasti: Botanika i Molekularna biologija, **predsjednica Komisije,**

prof. dr. Lada Lukić Bilela, redovna profesorica Prirodno-matematičkog fakulteta Univerziteta u Sarajevu, uže naučne oblasti: Molekularna biologija i Zoologija, **članica,**

prof. dr. Adaleta Durmić-Pašić, vanredni profesor Prirodno-matematičkog fakulteta Univerziteta u Sarajevu, uža naučna oblast *Molekularna biologija*, **član.**

VIJEĆU PRIRODNO-MATEMATIČKOG FAKULTETA UNIVERZITETA U SARAJEVU

Predmet: Izbor NASTAVNIKA u zvanje **Vanrednog profesora** za oblast „**Molekularna biologija**“ na Odsjeku za biologiju Prirodno-matematičkog fakulteta Univerziteta u Sarajevu-1 **izvršilac sa punim radnim vremenom.**

Na osnovu člana 106. Zakona o visokom obrazovanju (Službene novine Kantona Sarajevo broj 33/17, 35/20 i 40/20), člana 104. Statuta Univerziteta u Sarajevu, prijedloga Vijeća Odsjeka za biologiju od 22. 2. 2021. godine i Odluke Vijeća Prirodno-matematičkog fakulteta Univerziteta u Sarajevu sa elektronske 14. sjednice, održane 25. 2. 2021. godine, Dekan Fakulteta donio je Rješenje broj 01/06-391/2-2021 kojim smo imenovani u **Komisiju za pripremanje prijedloga za izbor nastavnika** u zvanje vanrednog profesora za oblast „**MOLEKULARNA BIOLOGIJA**“ na Odsjeku za biologiju Prirodno-matematičkog fakulteta Univerziteta u Sarajevu.

Nakon detaljnog uvida u priloženu dokumentaciju, podnosimo sljedeći

I Z V J E Š T A J

Na raspisani Konkurs/Natječaj objavljen 21. 1. 2021. godine u dnevnom listu „Dnevno Avaz“, na web-stranici Fakulteta i na web-stranici Univerziteta u Sarajevu, za izbor **nastavnika** u zvanje **Vanrednog profesora** za oblast „**Molekularna biologija**“ na Odsjeku za biologiju Prirodno-matematičkog fakulteta Univerziteta u Sarajevu-1 izvršilac sa punim radnim vremenom, blagovremeno (8. 2. 2021. godine) se prijavila jedna kandidatkinja: **Dr. Belma Kalamujić Stroil**, docentica Odsjeka za biologiju Prirodno-matematičkog fakulteta Univerziteta u Sarajevu. Imenovana je u svojoj prijavi navela da se prijavljuje za izbor **nastavnika** u zvanje **Vanrednog profesora**. Na osnovu Potvrde broj 02/01-279/2-2020 od 10. 2. 2021. godine obavješteni smo od Komisije za prijem pristiglih prijava da je prijava dr. Belme Kalamujić Stroil blagovremena i u skladu sa uslovima utvrđenim Konkursom.

/

Komisija dalje konstatuje da je **dr. Belma Kalamujić Stroil** uz prijavu na Konkurs priložila i sljedeće zakonom obavezne dokumente:

- ovjerenu kopiju Izvoda iz matične knjige rođenih,
- ovjerenu kopiju Uvjerenja o državljanstvu,
- biografiju s bibliografijom,
- ovjerenu kopiju diplome naučnog stepena doktora bioloških nauka,
- ovjerenu kopiju diplome naučnog stepena magistra bioloških nauka,
- ovjerenu kopiju diplome visoke stručne spreme u zvanju diplomirani biolog,
- bibliografske podatke (Spisak objavljenih naučnih i stručnih radova od posljednjeg izbora),
- ispile iz relevantnih baza podataka naučnih publikacija (SCOPUS, WOS, EBSCO, CAB Direct, ICI, Google Scholar),
- spisak objavljenih naučnih kongresnih saopštenja od posljednjeg izbora,
- spisak objavljenih naučnih knjiga,
- ispile iz COBISS baze podataka Nacionalne i univerzitetske biblioteke BiH,
- dokaz o najmanje jednom provedenom izbornom periodu u zvanju docenta - Ovjerene kopije odluka o izvršenom izboru u zvanje docenta za oblast „Molekularna biologija“ izdate od strane Senata Univerziteta u Sarajevu i Vijeća Prirodno-matematičkog fakulteta Univerziteta u Sarajevu,
- spisak projekata iz oblasti za koju se vrši izbor,
- relevantne dokaze (ovjerene kopije ugovora) kojima se potvrđuje učešće u naučnoistraživačkim projektima u svojstvu voditeljice,
- potvrde o učešću u realizaciji naučnoistraživačkih projekata izdate od strane Univerzitet u Sarajevu-Instituta za genetičko inženjerstvo i biotehnologiju i Udruženja za genetičko očuvanje bosanskohercegovačkih endemičnih i autohtonih resursa „GENOFOND“,
- dokaz o uspješno obavljenom mentorstvu najmanje jednom kandidatu za stepen drugog ciklusa studija - Ovjerene kopije rješenja o imenovanju u Komisiju za ocjenu i odbranu završnih radova drugog ciklusa studija i ovjerene kopije zaključka o usvajanju pozitivnog izvještaja Komisije,
- podatke i dokaze o učešću u redakcijskom odboru naučnog časopisa „Genetics & Applications“,
- ispis iz eCOST sistema kao dokaz participacije u COST akcijama
- primjerke naučnih i stručnih radova u printanoj i elektronskoj formi,
- primjerke knjiga u printanoj i elektronskoj formi (CD),
- primjerke naučnih saopštenja u elektronskoj formi,
- CD s biografijom, bibliografijom i ostalim priložima u elektronskoj formi.

1 OPĆI BIOGRAFSKI PODACI

Belma Kalamujić Stroil rođena je u Sarajevu 28. 10. 1980. godine. Studij Biologije na Prirodno-matematičkom fakultetu Univerziteta u Sarajevu upisuje 1999/2000 akademske godine i isti završava 2004. godine čime je stekla zvanje Diplomirani biolog. Obrazovanje nastavlja na Prirodno-matematičkom fakultetu Univerziteta u Sarajevu upisom iste godine na Postdiplomski studij na Odsjeku za Biologiju, smjer Genetika koji završava 2008. godine. Doktorat na Odsjeku za biologiju Prirodno-matematičkog fakulteta u Sarajevu, upisuje 2010. akademske godine, a doktorsku tezu je odbranila 2013. godine.

Belma Kalamujić Stroil počinje sa radom na Odsjeku za biologiju Prirodno-matematičkog fakulteta u Sarajevu, u svojstvu asistenta na oblasti Genetika 2006. godine. Izvodila je praktičnu nastavu iz predmeta: Genetika (2006/2007), Evolucija (2007/2008), Molekularna biologija (2009-2013), Regulatorni mehanizmi životinja (2010-2013) i Bioinformatika (2010-2013). Od 2013. do 2015. godine je u zvanju višeg asistenta realizirala praktičnu nastavu iz predmeta Molekularna biologija i Bioinformatika. Od 2015. do 2019. godine, u zvanju docenta, izvodila je nastavu iz predmeta Molekularna biologija, a do danas izvodi nastavu na predmetu Bioinformatika.

Tokom rada u nastavnom procesu je, u periodu 2014/2015 godine, na Internationalnom Burch Univerzitetu izvodila nastavu na predmetima: Cell biology, Genetics, Molecular biology I, Molecular biology II.

Također, na Institutu za genetičko inženjerstvo i biotehnologiju je kontinuirano birana u naučna zvanja: 2004. godine istraživač pripravnik; 2005. stručna saradnica; 2009. viša stručna saradnica; 2013. naučna saradnica; i od 2019. godine do danas viša naučna saradnica.

Belma Kalamujić Stroil je osnovala 2011. godine nevladinu organizacije „Genofond“ čija je i danas predsjednica. Članica je European Society for Conservation Biology (ESCB) i European Ichthyological Society (EIS). Članica je uredničkog odbora naučnog časopisa „Genetics & Applications“. Učestvovala je u tri COST akcije: 1) Genomic biodiversity knowledge for resilient ecosystems - kao vođa radne grupe V „Knowledge dissemination“, MC zamjenik, lokalni organizator konferencije; 2) Developing new genetic tools for bioassessment of aquatic ecosystems in Europe- kao STSM koordinator, MC predstavnik, lokalni organizator konferencije; 3) European transdisciplinary networking platform for marine biotechnology - kao MC predstavnik. Služi se engleskim i italijanskim jezikom.

Do sada je u koautorstvu objavila 3 knjige, 43 originalna naučna i stručna rada, 46 naučnih kongresnih saopštenja, učestvovala/vodila je 48 naučnih i stručnih projekata te kao lektor ili prevoditelj učestvovala u realizaciji tri naučne knjige.

2 NAUČNOISTRAŽIVAČKI RAD

Naučnoistraživačka bibliografija kandidatkinje obuhvata nekoliko zasebnih poglavlja (naučne i stručne publikacije, učešće na naučnim skupovima u zemlji i inostranstvu, učešće u projektima) za period prije izbora u zvanje docenta te nakon pomenutog izbora.

2.1 Naučne i stručne publikacije

2.1.1 Objavljeni naučnoistraživački radovi sa međunarodnom recenzijom koji su referirani u relevantnim međunarodnim bazama podataka do izbora u zvanje docenta:

1. Marjanovic, D., Durmic-Pasic, A., Bakal, N., Haveric, S., Kalamujic, B., Kovacevic, L., Ramic, J., Pojskic, N., Skaro, V., Projic, P., Bajrovic, K., Hadziselimovic, R., Drobnic, K., Primorac, D., Huffine, E., Davoren, J. (2007) DNA Identification of Skeletal Remains from the Second World War Mass Graves Uncovered in Slovenia – First Results. *Croatian Medical Journal*, 48:513-9 (**WOS, SCOPUS, EBSCO**)
2. Marjanovic, D., Durmic-Pasic, A., Kovacevic, L., Avdic, J., Dzehverovic, M., Haveric, S., Ramic, J., Kalamujic, B., Lukic Bilela, L., Skaro, V., Projic, P., Bajrovic, K., Drobnic, K., Davoren, J., Primorac, D. (2009) Identification of Skeletal Remains of Communist Armed Forces Victims During and After World War II: Combined Y-chromosome Short Tandem Repeat (STR) and MiniSTR Approach. *Croatian Medical Journal*, 50(3):296-304 (**WOS, SCOPUS**)
3. Marić, M., Kalamujić, B., Snoj, A., Razpet, A., Lukic Bilela, L., Pojskić, N., Susnik Bajec, S. (2012) Genetic variation of European grayling (*Thymallus thymallus*) populations in the Western Balkans. *Hydrobiologia*, 691(1):225-237 (**WOS, SCOPUS, EBSCO**)
4. Pojskic, N., Silajdzic, E., Kalamujic, B., Kapur-Pojskic, L., Lasic, L., Tulic, U., Hadziselimovic, R. (2013) Polymorphic Alu insertions in human populations of Bosnia and Herzegovina. *Annals of Human Biology*, 40(2):181-185 (**WOS, SCOPUS**)
5. Gasi, F., Kurtovic, M., Kalamujic, B., Pojskic, N., Grahic, J., Kaiser, C., Meland, M. (2013) Assessment of European pear (*Pyrus communis* L.) genetic resources in Bosnia and Herzegovina using microsatellite markers. *Scientia Horticulturae*, 157: 374-383 (**WOS, SCOPUS**)
6. Ahmić, A., Silajdžić, E., Lasić, L., Kalamujić, B., Hadživdić, V., Kapur-Pojskić, L., Bajrović, K., Hadžiselimović, R., Pojskić, N. (2014) Frequency of Main Western-Euroasian mtDNA Haplogroups and Paleolithic and Neolithic Lineages in the Genetic Structure of Population of Northeastern Bosnia. *Collegium Antropologicum*, 38(3):819-827 (**SCOPUS**)
7. Marčić, Z., Mrdak, D., Milošević, D., Simonović, P., Piria, M., Kalamujić, B., Tomljanović, T., Povž, M., Adrović, A., Šljuka, S., Mrakovčić, M., Duplić, A., Hrašovec, B., Ivanc, M., Zabrić, D., Weiss, S., Freyhof, J. (2014) Zaustavljanje gubitka biološke raznolikosti – mladica (*Hucho hucho*) u Dunavu (Halting the loss of biodiversity – the Huchen in the Danube). *Croatian Journal of Fisheries*, 72(3): 138-139 (**SCOPUS**)
8. Rukavina, D., Hasanbašić, D., Durmić-Pašić, A., Kalamujić, B., Zahirović, A., Ramić, J., Pojskić, N. (2015) Genetic Diversity of Arabian Horse from Stud "Borike" (Bosnia and Herzegovina) Using Microsatellite Markers. *Research and Reviews: Journal of Veterinary Sciences*, 1(2): 21-25

2.1.2 Objavljeni naučnoistraživački radovi sa međunarodnom recenzijom koji su referirani u relevantnim međunarodnim bazama podataka nakon izbora u zvanje docenta:

9. Softić, A., Katica, V., Ramić, J., Bajrović, K., Radosavljević, G., Lasić, L., Kalamujić, B., Šakić, V., Pojskić, N. (2016) **Microsatellite diversity of Bosnian-Herzegovinian-Croatian shepherd dog Tornjak. Genetika, 48(1): 49-56 (WOS, SCOPUS, EBSCO)**

Izvod: U radu je po prvi put izvršena procjena polimorfizma bosansko-hercegovačkog-hrvatskog pastirskog psa tornjaka u Bosni i Hercegovini primjenom 10 mikrosatelitnih lokusa koji su sastavni dio *StockMarks® for Canine Genotyping Kit (Applied Biosystems)*. Prosječna vrijednost uočene heterozigotnosti je iznosila 0.7261, a uočene 0.7392. Statistički značajno odstupanje odHWE ($p < 0.05$) je primjećeno za lokuse *PEZ1*, *PEZ12*, *PEZ3* i *PEZ6*. Kada se uzmu svi parametri u obzir (uočena i očekivana heterozigotnost, test o sadržaju polimorfizma, broj detektovanih i efektivnih alela, broj detektovanih i maksimalno mogućih genotipova, najveće alelne frekvencije, indeks najvećih alelnih frekvencija), možemo konstatovati da lokus *PEZ6* pokazuje najveći diverzitet, a lokus *PEZ3* najmanji. Međutim, uzimajući u obzir samo standardne parameter heterogenosti (uočenu i očekivanu heterozigotnost, kao i test o sadržaju polimorfizma), može se uočiti da lokus *PEZ20* ima najmanji diverzitet, ali treba imati u vidu da je broj efektivnih alela ovog lokusa veći nego kod *PEZ3*. Vrijednosti testa o sadržaju polimorfizma ukazuju da su korišteni markeri informativni ($PIC > 0.5$) i podesni za provjenu genetičkog diverziteta. U principu se može zaključiti da populacija bosansko-hercegovačkog-hrvatskog pastirskog psa tornjaka u Bosni i Hercegovini nije dramatično izgubila genetički diverzitet Ova studija u cjelini predstavlja značajan doprinos u izučavanju autohtonih vrsta domaćih životinja u Bosni i Hercegovini. Poseban doprinos ovog rada je ustanovljena potreba detaljnijeg pristupa selekciji jedinki bosansko-hercegovačkog-hrvatskog pastirskog psa tornjaka zbog poboljšanja uzgojnih rezultata, a time i genetičkog očuvanja pasmine u Bosni i Hercegovini.

10. Rukavina D, Hasanbašić D, Ramić J, Zahirović A, Ajanović A, Beganović K, Durmić-Pašić A, Kalamujić B, Pojskić N. (2016) **Genetic diversity of Thoroughbred horse population from Bosnia and Herzegovina based on 17 microsatellite markers. Japanese Journal of Veterinary Research, 64 (3): 215-220 (SCOPUS)**

Izvod: Fokus ovog istraživanja bio je na genetičkoj raznolikosti populacije čistokrvnih (TB) konja uzgajanih u BiH. Genomska DNK je genotipizirana pomoću 17 mikrosatelitnih markera. Otkrivena su ukupno 103 alela. Prosječan broj alela po lokusu bio je 6,059, a efektivan broj alela 3,293. Prosječne vrijednosti uočene i očekivane heterozigotnosti iznosile su 0,645, odnosno 0,696. Prosječna vrijednost PIC bila je 0,649, a koeficijent inbreedinga 0,090. Na osnovu svih promatranih parametara, lokus *ASB2* pokazao je najveću genetičku raznolikost, dok je lokus *HMS2* bio najmanje raznolik. Ovi

rezultati sugeriraju da na populaciju TB konja iz BiH ne utiče značajan gubitak genetičke raznolikosti, što ukazuje na prisustvo relativno visokog nivoa genetičke varijabilnosti.

11. **Kanlić, K., Kalamujić, B., Grahić, J., Asdal, Å., Meland, M., Kurtović, M., Gaši, F. (2016) Influence of selection pressure on the frequency of triploid genotypes among different traditional apple germplasm. Works of the Faculty of Agriculture and Food Sciences, University of Sarajevo, 61: 287-290 (CAB Direct)**

Izvod: Sorte triploidnih jabuka su često favorizirane kroz vještačku selekciju zbog povećane veličine ploda, iako imaju veće zahtjeve u pogledu oprašivanja u odnosu na svoje diploidne dvojnike. Međutim, slično vizuelnim karakteristikama, sklonosti prema veličini i obliku ploda jabuke nisu univerzalne, već kulturološki ovisne. Kako bi se istražio uticaj selekcijskog pritiska na učestalost triploidnih genotipova među različitim tradicionalnim germplazmama jabuka, analizirano je 141 sastojina jabuka koje se nalaze u *ex situ* kolekcijama u Norveškoj i 115 tradicionalnih i međunarodnih sastojina jabuka iz Bosne i Hercegovine (BiH) pomoću 8 mikrosatelitnih markera. Genotipovi koji su imali više od dva alela po lokusu smatrani su triploidima. Rezultati SSR analiza iz ove i uporedivih studija pokazuju da su triploidne sorte jabuka mnogo češće među tradicionalnim germplazmama jabuka iz južne Evrope nego među tradicionalnim germplazmama jabuka iz sjeverne Evrope. Prokomentarisani su i mogući uzroci ovakvih rezultata.

12. **Lasić, L., Čakar, J. H., Radosavljević, G., Kalamujić, B., Pojskić, N. (2016) Historical Overview of the Human Population-Genetic Studies in Bosnia and Herzegovina: Small Country, Great Diversity. Collegium Antropologicum, 40: 145-149 (SCOPUS)**

Izvod: Moderna Bosna i Hercegovina je višenacionalna i multireligiozna zemlja, nalazi se na zapadnom dijelu balkanskog poluotoka u jugoistočnoj Europi. Prema posljednjim arheološkim nalazima, Bosna i Hercegovina je okupirana od strane modernih ljudi od razdoblja paleolitika. Struktura ljudske populacije Bosne i Hercegovine je vrlo složena i specifična, zbog čega je zanimljiva za razna populacijsko-genetička istraživanja. Stanovništvo Bosne i Hercegovine je u fokusu bioantropoloških i populacijskih (genetika) studija još od 19. stoljeća. Prva poznata bioantropološka analiza bosanskohercegovačkog stanovništva prvenstveno se temeljila na promatranju nekih fenotipskih osobina. Kasniji pregledi su uključili citogenetske i DNA molekularnih markera u istraživanja. Rezultati svih studija koje su do sada napravljene do sada nisu pokazale značajnu genetsku razliku među populacijama (na temelju geografskih regija) s vrlo visokom raznolikošću unutar njih. Ljudsko stanovništvo Bosne i Hercegovine je usko povezano s drugim populacijama na Balkanu. Međutim, još uvijek postoje mnoge zanimljive značajke skrivene unutar postojeće raznolikosti lokalnih populacija koje još uvijek čekaju da budu otkrivene i opisane.

13. **Razpet, A., Šunje, E., Kalamujić, B., Tulić, U., Pojskić, N., Stanković, D., Krizmanić, I., Marić, S. (2016) Genetic differentiation and population dynamics of**

Alpine salamanders (*Salamandra atra*, Laurenti 1768) in Southeastern Alps and Dinarides. Herpetological Journal, 26: 109-117 (WOS, SCOPUS, EBSCO)

Izvod: Genetička struktura populacija alpskog daždevnjaka (*Salamandra atra*, Laurenti 1768) u Dinaridima u odnosu na kontinuirane populacije u Alpama još uvijek je slabo poznata. Za poređenje dinarskih populacija s najbližim alpskim populacijama, jedanaest populacija je genotipizirano pomoću sedam mikrosatelitnih lokusa. Otkrivene su dvije glavne skupine: raznovrsnija alpska skupina u štajerskim i julijskim Alpama i manje raznolika dinarska skupina. Populacija Pokljuka pripada dinarskoj grupi unatoč geografskom položaju u Alpama, što postavlja granicu između glavnih skupina sjeverno od južne alpske orografske granice. *Bottleneck* događaji, datirani na kraju posljednjeg glacijacijskog perioda, moguće su se desili u alpskim populacijama, ali ne i u dinarskim. Genetički tragovi migracija otkriveni su unutar dinarskog i alpskog područja, ali ne i između njih. Populacije s planine Prenj (Bosna i Hercegovina), gdje je opisana podvrsta *S. atra prenjensis*, nisu se genetički razlikovale od ostalih dinarskih populacija. Ovi rezultati sugeriraju da, ako takson ostane valjan, *S. atra prenjensis* treba obuhvatiti čitave Dinaride kao i populaciju Pokljuka koja se nalazi u Alpama.

14. Gaši, F., Kanlić, K., Kalamujić Stroil, B., Pojskić, N., Asdal, Å., Rasmussen, M., Kaiser, C., Meland, M. (2016) Redundancies and Genetic Structure among ex situ Apple Collections in Norway Examined with Microsatellite Markers. HortScience, 51: 1458-1462 (WOS, SCOPUS, EBSCO)

Izvod: Genetički resursi jabuka u Norveškoj trenutno se čuvaju u velikom broju lokalnih klonskih arhiva. Međutim, tokom uspostavljanja ovih *ex situ* kolekcija, primarni fokus nije bio obuhvatiti što veći dio raznolikosti, već očuvati sorte od posebne važnosti za određene voćarske regione. Da bi se identifikovali duplikati unutar kolekcije, kao i da bi se procijenila genetička raznolikost i struktura germplazme jabuka koja se trenutno čuva u Norveškoj, korišteno je osam mikrosatelita u genetičkoj karakterizaciji 181 sastojina jabuke. Ukupno je identificirano 14 slučajeva sinonima ili mogućih pogrešno označenih sastojina, kao i nekoliko homonima i duplikata unutar i među analiziranim kolekcijama. Dobijene informacije trebale bi doprinijeti sveukupnom boljem upravljanju očuvanom germplazmom. Bayesova analiza genetičke strukture otkrila je dva glavna klastera, jedan koji je sadržavao većinu stranih sorti, dok se drugi sastojao uglavnom od tradicionalnih skandinavskih sorti, ali i nekih genotipova vrlo otpornih na hladnoću poput 'Charlamovsky', 'Gravenstein', 'Transparente Blanche', i 'Bogat'. Analizom molekularne varijance (AMOVA) utvrđena je značajna genetička diferencijacija klastera ($f_{CT} = 0,077$; $P < 0,01$). Rezultati Bayesovih analiza ne ukazuju na izraženu razliku između stranih i norveških sastojina jabuka, međutim, sugeriraju da je prilagođavanje na klimatske uslove imalo značajan uticaj na genetičku strukturu očuvane germplazme. Sveukupno, sastojine jabuke koji se trenutno održavaju *ex situ* u Norveškoj predstavljaju raznovrsnu germplazmu koja bi mogla biti vrlo vrijedna u budućim uzgojnim programima, posebno za skandinavsko klimatsko područje.

15. **Kalamujić Stroil, B., Dorić, S., Hanjalić, J., Lasić, L., Pojskić, N. (2017). Regional biodiversity database (REBIDA) – the first comprehensive database of biological diversity of Bosnia and Herzegovina. Genetics & Applications, 1(2):59-65. (EBSCO)**

Izvod: Prema izvještajima stručnjaka, Bosna i Hercegovina, uprkos prisustvu raznolikih i vrijednih prirodnih resursa, ne posjeduje sistematični, koordinirani i harmonizirani plan za biomonitoring. Pronalazak rješenja za ozbiljne probleme vezane za zaštitu okoliša, menadžment i istraživanje se oslanja na efikasno korištenje iscrpnih i pouzdanih podataka o prirodi. Međutim, u zemljama u razvoju i tranziciji često nedostaju centralizovane, nacionalno finansirane baze podataka koje mogu koristiti kao siguran izvor podataka u procesu donošenja odluka. Univerzitet u Sarajevu-Institut za genetičko inženjerstvo i biotehnologiju (INGEB) je razvio Regionalnu bazu podataka o biodiverzitetu- REBIDA u cilju pohranjivanja svih bioloških podataka o divljim i domaćim prirodnim resursima Bosne i Hercegovine. Ova internetska baza podataka predstavlja cjelovitu i otvorenu platformu koju mogu pretraživati pripadnici naučne i akademske zajednice, vladini i nevladini akteri, kao i šira javnost. Pored vrijednosti koju ima u kontekstu nauke, REBIDA će poslužiti kao edukativni alat za podučavanje o diverzitetu i važnosti prirodnih resursa, sa posebnim naglaskom na autohtonu i endemsku floru, faunu i gljive Balkana. Ona je jedina baza ovog tipa u državi, te se sastoji od tri funkcionalna dijela: tkivna baza, DNK baza podataka i digitalna genetička baza biljnih, animalnih i ljudskih uzoraka. Kao dodatak REBIDA-i, razvijena je i mobilna aplikacija pod nazivom REBIDA SCANNER. Ova aplikacija će biti besplatna za preuzimanje za IOS i Android platforme, te će omogućiti profesionalcima, ljubiteljima prirode i drugim zainteresovanim strankama da doprinesu REBIDA-i kroz sakupljanje podataka, uzorkovanje na terenu i dokumentaciju bosanskohercegovačkog biodiverziteta.

16. **Rukavina, D., Hasanbašić, D., Kalamujić Stroil, B., Pojskić, N. (2017). Microsatellite diversity of crossbred horses raised in Bosnia and Herzegovina. Genetics & Applications, 1(1):16-22. (EBSCO)**

Izvod: Fokus ove studije bila je mikrosatelitna raznolikost konja križanaca uzgajanih u Bosni i Hercegovini. Genomska DNK je izolovana iz uzoraka krvi 20 jedinki (KBA grupa - 7 jedinki, križanci bosanskoghercegovačkog brdskog konja i arapskog konja; KBR grupa - 9 jedinki, križanci bosanskohercegovačkog brdskog i belgijskog konja, križanci bosanskohercegovačkog brdskog konja i konja pasmine Holstein, križanci bosanskohercegovačkih brdskih konja i lipicanera i KBN grupa - 4 jedinke, križanci bosanskohercegovačkog brdskog konja s drugim roditeljem nepoznatog porijekla). Uzorci su profilirani pomoću 17 mikrosatelitskih markera. Ova metoda sastojala se od multiplex PCR postupka i generirala je dobru amplifikaciju na svim lokusima. Svi uzorci su uspješno genotipizirani. Uzimajući u obzir sve posmatrane parametre, VHL20 lokus pokazao je najveću raznolikost. Lokus HMS7 bio je najmanje varijabilan u KBR grupi, dok je HMS1 lokus bio najmanje raznolik u KBN grupi. Najveća raznolikost mikrosatelita u grupi KBA pronađena je na AHT5 lokusu, dok je HTG6 lokus bio najmanje raznolik. Dobijeni rezultati sugeriraju da istražene populacije križanaca konja iz Bosne i Hercegovine nisu pod utjecajem značajnog gubitka genetičke raznolikosti, na šta ukazuje prisustvo relativno visokog nivoa genetičkih varijacija. Porast koeficijenta

inbridinga i dovoljna heterogenost u grupi KBN ukazuju na pojavu srodničkog parenja. Ovo istraživanje doprinosi saznanju o trenutnom stanju genetičke strukture ispitivanih križanaca konja.

17. **Hanjalić, J., Dorić, S., Lasić, L., Kalamujić Stroil, B., Hasičić, S., Pojskić, N. (2017). An optimized DNA isolation protocol enables an insight into molecular genetic background of endemic *Moltkia petraea* (Tratt.) Griseb. from Bosnia and Herzegovina. *Genetics & Applications*, 1(1):7-15. (EBSCO)**

Izvod: Endemična biljna vrsta Dinarida, *Moltkia petraea* (Tratt.) Griseb., često se naziva „živim fosilom“ tercijerne flore i od velike je važnosti za biološku raznolikost Bosne i Hercegovine. S obzirom na njen uzak i ograničen areal, jako malo molekularno-genetičkih podataka postoji o ovoj vrsti. Uslijed prisustva različitih sekundarnih metabolita koji interferiraju s DNK, izolacija nukleinskih kiselina iz biljnih ćelija je vrlo zahtjevna. Čak i u slučaju blisko srodnih vrsta, neophodno je optimizirati protokol za ekstrakciju, kako bi se dobila visokokvalitetna DNK, upotrebljiva u koracima PCR amplifikacije. Sakupljen je 91 uzorak iz pet populacija u Hercegovini. CTAB protokol (Doyle i Doyle, 1987) je modificiran dodavanjem vitamina C (askorbinske kiseline) u pufer za lizu ćelija kako bi se poboljšao prinos i kvalitet DNK. U svrhu procjene mogućnosti amplifikacije izolovane DNK i analize intra- i interpopulacijskog genetičkog diverziteta, primjenjeni su trnL (UAA) intron i nrDNA (ITS1, ITS2) molekularni markeri. Dobijeni rezultati su pokazali uspješnu PCR amplifikaciju kod 81% analiziranih uzoraka. PCR-RFLP analiza trnL (UAA) introna pokazala je da sve jedinice unutar pet populacija imaju isti haplotip na osnovu enzimatskog profila sa tri enzima (TaqI, HinfI, HindII). Poravnavanje i analiza ITS sekvenci nije otkrila nijedan hipervarijabilni dio koji bi mogao biti informativan u rasvjetljavanju genetičkog diverziteta populacija *M. petraea*. Dalje studije, uz dodatnu primjenu mikrosatelitnih lokusa, RAPD i AFLP metoda, neophodne su u pokušaju rasvjetljavanja genetičke raznolikosti vrste *M. petraea*.

18. **Lasić, L., Dorić, S., Hanjalić, J., Čakar, J., Kalamujić Stroil, B., Radosavljević, G., Pojskić, N. (2017) Contribution to molecular genetic characterization of *Helleborus multifidus* Vis. in Bosnia and Herzegovina. *Works of the Faculty of Forestry University of Sarajevo*, Vol.47, Issue 1. (Index Copernicus International)**

Izvod: *H. multifidus* je endemična ilirsko-jadranska vrsta rasprostranjena u Italiji, Sloveniji, Hrvatskoj, Bosni i Hercegovini, Crnoj Gori i Albaniji. Iako nekoliko studija navodi različite taksonomske kategorije za *H. multifidus*, prvi put su korišteni molekularnogenetički markeri (trnL region hloroplastne DNA, matK, ITS 1 i ITS 2) u genetičkoj karakterizaciji populacija *H. multifidus* sa tri lokaliteta u Bosni i Hercegovini. Rezultati provedenog istraživanja su pokazali da PCR-RFLP metoda trnL introna nije informativna u utvrđivanju interpopulacijskog i intrapopulacijskog diverziteta analiziranog taksona. Međutim, sekvence matK, ITS1 i ITS2 ukazuju na postojanje razlika između populacija kukurjeka iz okoline Trebinja i populacija sa Kupreškog polja, ukazujući na nužnost dodatnih analiza.

19. **Kanlić, K., Kalamujić, B., Pojskić, N., Grahić, J., Gaši, F., Asdal, Å., Meland, M. (2017) Genetic structure and differentiation among North and South European apple germplasm. Acta Horticulturae, 1172, 195-200 (SCOPUS)**

Izvod: Kako bi se istražila genetička struktura i diferencijacija između germplazme jabuka sjeverne i južne Evrope, analizirana je 141 sastojina jabuka koji se čuva u *ex situ* kolekcijama u Norveškoj i 110 tradicionalnih i međunarodnih sastojina jabuka iz Bosne i Hercegovine (BiH) pomoću 8 mikrosatelitnih markera. Bayesove analize, zasnovane na mikrosatelitnim podacima, grupirale su većinu sastojina u dva glavna klastera. Prvi klaster sastojao se uglavnom od tradicionalnih i međunarodnih sastojina iz BiH, kao i od norveških sastojina izvedenih uglavnom iz stranih ili formalnih uzgojnih programa ('James Grieve', 'Katja', 'Summered', 'Bramleys Seedling', 'Elstar', 'Katinka', 'Belle de Boskoop', 'Jacques Lebel', itd.). Drugi klaster sastojao se gotovo isključivo od tradicionalnih norveških sastojina. Daljnje analize podijelile su svaki klaster u dvije podskupine. Klaster 1.1 obuhvaćao je norveške sastojine proizašle iz stranih ili komercijalnih uzgojnih programa, međunarodne sorte i bh. sastojine introducirane iz Evrope i sjeverne Amerike za vrijeme vladavine Austrougarskog carstva. Klaster 1.2 obuhvaćao je tradicionalne bh. sastojine introducirane tokom vladavine Otomanskog carstva. Klaster 2.1 i 2.2 sastojali su se uglavnom od tradicionalnih sastojina jabuka iz Norveške. Dobijeni rezultati ukazuju na jasnu genetičku strukturu i diferencijaciju između germplazme jabuke sjeverne i južne Evrope, vjerovatno uslovljene klimatskom prilagodbom i selekcijom.

20. **Gaši, F., Hodžić, A., Hadživdić, M., Kurtović, M., Grahić, J., Lasić, L., Kalamujić Stroil, B., Pojskić, N. (2017) Genetic identity of raspberry 'Polana' plantlings examined using microsatellite markers. Genetics and Applications, 1: 3-6. (EBSCO)**

Izvod: Sorte maline se klonski razmnožavaju i stoga sve biljke koje pripadaju jednoj sorti predstavljaju isti genotip. Integritet sorti sadnica maline plasiranih na tržište u Bosni i Hercegovini (BiH) zasniva se na ispitivanju morfoloških svojstava, što nije pouzdan alat za genetičku identifikaciju. U ovom istraživanju sadnice proglašene sortom „Polana“ genotipizirane su pomoću sedam mikrosatelita, kako bi se dobio preliminarni uvid u genetički integritet sadnica maline koje se prodaju u BiH. Biljno tkivo (lišće) iz 10 biljaka maline nasumično je uzorkovano iz serije sadnica koje je prodao glavni rasadnik voća u Bosni i Hercegovini. Uz ove uzorke, u istraživanje su uključene i četiri referentne sorte s potvrđenim identitetom ('Polka', 'Autumn bliss', 'Heritage' i 'Polana'). Sedam parova prajmera dalo je 31 alel, ili u prosjeku 4,4 alela po lokusu. UPGMA klaster analiza, temeljena na Jaccardovom koeficijentu sličnosti, otkrila je da je među deset uzoraka proglašanih sadnicama „Polana“ samo pet genetički identično bilo kojem od ostalih uzoraka. Klaster analize također su pokazale da niti jedan od deset uzoraka proglašanih kao sadnice „Polana“ zapravo nije identičan ili čak usko povezan s referentnom sortom „Polana“ ili bilo kojom drugom referentnom sortom. Ova otkrića jasno pokazuju da genetički identitet sadnica maline, koje se trenutno prodaju u Bosni i Hercegovini, treba testirati objektivnim i pouzdanim metodama, a ne jednostavnim morfološkim promatranjem.

21. Skender, A., Kurtović, M., Pojskić, Naris., Kalamujić Stroil, B., Hadžiabulić, S., Gaši, F. (2017) Genetic structure and diversity of European chestnut (*Castanea sativa* Mill.) populations in Western Balkans: on a crossroad between east and west. *Genetika*, 49: 613-626 (SCOPUS, EBSCO)

Izvod: Evropski kesten (*Castanea sativa* Mill.) veoma je cijenjen kao izvor plodova i drveta, ali i kao važan izvor nektara i polena u proizvodnji meda na zapadnom Balkanu. U ovoj studiji analizirane su, primjenom 21 mikrosatelitnog markera, četiri populacije kestena sa područja zapadnog Balkana i referentna populacija iz sjeverne Italije. Najveći genetički diverzitet uočen je u populacijama geografski najbližim italijanskom poluotoku, koje su ujedno pokazale i najveći stepen sličnosti s uzorcima iz Italije. Najveća genetička diferencijacija primijećena je između sjevernih i istočnih populacija kestena iz Bosne i Hercegovine (B&H) ($G_{st}=12,05\%$). Ova izražena diferencijacija vjerovatno je uslovljena genetičkim adaptacijama na značajno različite klimatske uslove prisutne na jugu (mediteranska klima) i istoku (kontinentalna klima) Bosne i Hercegovine. Jasna genetička diferencijacija južnih i istočnih bh. populacija kestena od italijanskih populacija, uočena na osnovu G_{st} , FCA i STRUCTURE analize, ukazuje na to da su ove populacije najvjerovatnije potekle iz nezavisnih refugijuma nakon posljednjeg glacijalnog perioda. Na osnovu ovih rezultata, smatramo da postoji introgresijska zona na sjeverozapadu Balkana, uspostavljena genskim protokom između apeninskog i balkanskog poluotoka. Dobivena saznanja o strukturi analiziranih populacija značajno će doprinijeti uspostavljanju regionalnih strategija za konzervaciju i upravljanje populacijama evropskog kestena na zapadnom Balkanu.

22. Kalamujić Stroil, B., Lasić, L., Hanjalić, J., Mačar, S., Vesnić, A. (2018) The first DNA barcode record for *Rhyacophila bosnica* Schmid, 1970 and pairing of adult and larval life stages. *Genetics&Applications*, 2:20-27. (EBSCO)

Izvod: *Rhyacophila* Pictet, 1834 je globalno rasprostranjen i vrlo raznovrstan rod vodenih moljaca (Trichoptera), kojeg karakterišu brojne regionalno endemične vrste. Na Balkanskom poluotoku, najviše vrsta roda *Rhyacophila* (32) je zabilježeno u Bosni i Hercegovini. *Rhyacophila bosnica* Schmid, 1970 naseljava samo balkansko dinarsko područje, a tipsko stanište je u Vučijoj Luci, Bosna i Hercegovina. Kao i kod brojnih drugih vrsta Trichoptera, morfologija larve je nepoznata. Stoga, upotrebljena je metodologija DNK barkodinga s ciljem povezivanja dva razvojna stadija. U ovom radu je zabilježen prvi DNK barkod za ovu vrstu.

23. Ahmić, A., Kalamujić, B., Ismailović, A., Lasić, L., Halilović, E., Mujkić, I., Pojskić, N. (2018) Mitochondrial DNA diversity of the Roma from northeastern Bosnia, Bosnia and Herzegovina, *HOMO*, doi.org/10.1016/j.jchb.2018.11.001. (WOS, SCOPUS)

Izvod: Ova studija je prvi izvještaj o raznolikosti mtDNK u romskoj populaciji iz Bosne. Glavni cilj ove studije bio je analizirati raznolikost mtDNK u proučavanoj populaciji, procijeniti genetičke odnose s ostalim evropskim romskim populacijama i analizirati uticaj protoka gena Roma na mitohondrijski profil Roma iz sjeveroistočne Bosne. Varijabilnost mtDNK u analiziranoj populaciji proučavana je pomoću sekvenciranja

hipervarijabilnog segmenta I i II (HVSI/II) kontrolnog regiona i RFLP analizom kodirajućeg regiona. Naši rezultati pokazuju da je genetička struktura Roma iz sjeveroistočne Bosne kombinacija loza tri glavna nivoa: specifičnog osnivača indijskog porijekla (M5a1 i M35b) i osnivača ne-M loze indijskog/evropskog porijekla (H7a, X2b i X2d) i loze evropskog/bliskoistočnog porijekla (H, H1, H11a, V, T2b, K1b i W). Raspodjela haplogrupa u genskom fondu komparacijske evropske romske populacije ukazuje na odvojeno porijeklo bosanskih Roma i bugarskih vlaških i hrvatskih vlaških Roma. Podaci sugeriraju da bi mitohondrijski genski fond romske populacije iz sjeveroistočne Bosne mogao biti posljedica ranog odvajanja i kasnijih različitih migracijskih puteva koji su dio njihove demografske historije. Naši podaci potvrđuju visoku genetičku heterogenost romske populacije koja se može oblikovati efektima genetičkog drifta, izolacije i male efektivne veličine populacije, a što korelira s migracionom historijom Roma.

24. **Mušović, A., Đug, S., Pojskić, N., Kalamujić Stroil, B., Vesnić, A., Škrijelj, R. (2018) Status of endangered fish species *Aulopyge huegelii* Heckel, 1843 (Teleostei: Cyprinidae) in the Buško Blato reservoir, Bosnia and Herzegovina. Iranian Journal of Ichthyology, 5(3):212-231. (SCOPUS)**

Izvod: Oštrulj, *Aulopyge huegelii* je stenoendemska vrsta ribe ograničena na područje zapadne Bosne i dio Dalmacije. Njegov globalni IUCN status je „ugrožen (EN)“ prema kriteriju „B1ab (iii,v)“. Nema dovoljno pouzdanih izvora koji sadrže podatke o ovoj vrsti, posebno u novijem periodu. Kao primarno riba podzemnih voda, bila je izuzetno dobro prilagođena uvjetima okoliša u akumulaciji Buško Blato. Na osnovu nedavnih nalaza, status ove vrste se promijenio u posljednjih nekoliko godina. Glavni cilj ove studije bio je karakterizirati i odrediti trenutni status monotipske vrste *A. huegelii* iz akumulacije Buško Blato, analizom njezinih odabranih morfoloških i ekoloških obilježja. Tokom terenskog istraživanja prikupili smo 88 jedinki *A. huegelii*, na samo četiri susjedna nalazišta. Očigledan je značajan pad veličine njegove populacije u odnosu na prethodne studije. Rezultati su pokazali njegovo povlačenje u mali dio rezervoara koji je povezan sa sistemom podzemnih voda kao svojim primarnim staništem, kako bi pobjegao od grabežljivaca: četiri nove alohtone vrste u ovom ekosistemu. Upoređujući rezultate s prethodnim studijama, moglo bi se zaključiti da se oštrulj "vraća" u svoj izvorni morfološki oblik, tj. u formu ribe podzemnih voda. Sve ovo bi u perspektivi moglo imati značajne posljedice na preživljavanje populacije ove vrste u akumulaciji Buško Blato.

25. **Hodžić, A., Kurtović, M., Grahić, J., Kalamujić Stroil, B., Lasić, L., Hanjalić, J., Gaši, F. (2018) Ratio of clonal plants among natural bilberry (*Vaccinium myrtillus* L.) populations located in municipalities of Kladanj and Srebrenica. Radovi Poljoprivrednog Fakulteta Univerziteta u Sarajevu\Works of the Faculty of Agriculture University of Sarajevo, 63:20-27. (CAB Direct)**

Izvod: Borovnica *V. myrtillus*, osim generativnog, posjeduje i sposobnost da se razmnožava vegetativno, putem rizoma koji rastu horizontalno. Prisustvo većeg udjela klonskih biljaka borovnice, na određenom staništu povećava i vjerovatnoću samooplodnje. Navedena pojava, kod borovnice, uzrokuje inbridišnu depresiju koja

utječe na smanjenje stvaranja sjemenki i plodova kod ove vrste. U ovoj studiji izvršena je determinacija udjela klonskih biljaka u sklopu dvije prirodne BiH populacije borovnice, i to na području općine Kladanj i Srebrenice, upotrebom mikrosatelitnih ili SSR markera. Rezultati genotipizacije ukazuju na jasnu razliku u pogledu udjela klonskih biljaka između populacija „Kladanj“ i „Srebrenica“, gdje je u drugonavedenoj populaciji udio ovih biljaka dosta veći. Između navedenih populacija utvrđena je značajna genetička diferencijacija, što barem djelomično ukazuje da su uočene razlike pod utjecajem nasljedne osnove. U cilju dobijanja cjelovitije slike, neophodno je uključiti dodatne populacije borovnice, te analizirati dodatne SSR lokuse. Takođe, rezultate genetičke analize neophodno je upotpuniti sa fenotipskim podacima, što bi dalo uvid u posljedice smanjene heterozigotnosti na komercijalne odlike borovnice.

26. **Hanjalić, J., Lasić, L., Gaši, F., Melland, M., Grahić, J., Kalamujić Stroil, B. (2018) The applicability of three DNA isolation methods in SSR analysis of hexaploid plum (*Prunus domestica* L.) cultivars. *Genetics & Applications*, 2(1):1-7. (EBSCO)**

Izvod: Glavni cilj bilo kojeg protokola za ekstrakciju DNK je osigurati pouzdane i ponovljive rezultate na jednostavan, brz i jeftin način. Kada se radi o biljnim tkivima, postići ovaj cilj je vrlo izazovno, uslijed prisustva različitih metabolita koji interferiraju s DNK tokom izolacije i naknadnih analiza. U ovoj studiji upoređena je efikasnost tri metode za ekstrakciju DNK iz košpica šljive: 1) standardna CTAB Soltis metoda koja predstavlja najčešći protokol za ekstrakciju DNK iz različitih biljnih tkiva (sjemena, mladi listovi, razvijeno lišće, korijen); 2) metoda zasnovana na CTAB-u, prvobitno opisana za ekstrakciju DNK iz ljekovitih biljaka koje imaju visoke nivoe sekundarnih metabolita; 3) jedan od brojnih, komercijalno dostupnih kompleta za ekstrakciju. Kvalitet dobijene DNK je procijenjen SSR analizom na sedam mikrosatelitnih markera. Iako su posljednja dva protokola omogućila ekstrakciju genomske DNK koja je dala pozitivan PCR rezultat, samo je DNK izolirana komercijalnim kompletom proizvela puni SSR profil.

27. **Leese, F. et al. (2018). Why We Need Sustainable Networks Bridging Countries, Disciplines, Cultures and Generations for Aquatic Biomonitoring 2.0: A Perspective Derived From the DNAqua-Net COST Action. *Advances in Ecological Research*, doi: 10.1016/bs.aecr.2018.01.001 (WOS, SCOPUS, EBSCO)**

Izvod: Biomonitoring vodenih ekosistema postao je osnovni zadatak u Evropi i mnogim drugim regijama kao posljedica snažnih antropogenih pritisaka koji utiču na status jezera, rijeka, okeana i podzemnih voda. Tipična procjena stanja kvaliteta okoliša, kakvu zahtijeva evropsko, ali i sjevernoameričko i drugo zakonodavstvo, oslanja se na usklađivanje sastava skupova organizama identificiranih pomoću morfoloških kriterija prisutnih u vodenim ekosistemima s onima koji se očekuju u odsustvu antropogenih pritisaka. Kroz decenijske i komplicirane vježbe interkalibracije među mrežama regulatora i naučnika u evropskim zemljama razvijen je i usvojen pragmatični pristup biomonitoringu koji sada daje neprocjenjive informacije. Ipak, ovaj pristup zasnovan je na nekoliko stotina različitih protokola, što ga čini osjetljivim na probleme s uporedivošću, razmjerom i razlučivošću. Nadalje, dobivanje podataka je često sporo zbog

nedostatka taksonomskih stručnjaka za mnoge taksone i regije i dugotrajne morfološke identifikacije organizama. Kao moguće rješenje ovih nedostataka predložene su metode genetičkog skrininga velikog kapaciteta kao što je (e)DNA metabarkodiranje. Takav „biomonitoring nove generacije“, koji se naziva i „biomonitoring 2.0“, ima mnoge prednosti u odnosu na tradicionalni pristup u pogledu brzine, uporedivosti i troškova. Također stvara potencijal za uključivanje novih bioindikatora i time dodatno poboljšava procjenu zdravlja vodenog ekosistema. Međutim, nekoliko glavnih konceptualnih i tehnoloških izazova još uvijek koče njegovu primjenu u zakonske i regulatorne okvire. Naučnici ponekad imaju tendenciju da previde pravna ili socioekonomska ograničenja, što regulatori moraju redovno razmatrati. Štaviše, kvantifikacija obilja vrsta ili biomase ostaje značajno usko grlo u oslobađanju punog potencijala ovih pristupa. Ovdje ističemo glavne izazove za vodeni biomonitoring vode i ocrtavamo principe i dobre prakse za njihovo rješavanje s naglaskom na premošćivanju tradicionalnih disciplinskih granica između naučnika, regulatora, zainteresovanih strana i industrije.

28. Meland, M., Gasi, F., Kurtovic, M., Kalamujic, B., Pojskic, N., Lasic, L. (2018) **Microsatellites as a tool for identifying successful pollinators of the pear cultivar 'Ingeborg' in Ullensvang, Norway. Acta Horticulturae, 1229:57-60. (SCOPUS)**

Izvod: Zbog svog mendelijanskog nasljeđivanja, mikrosateliti ili SSR mogu se lako koristiti za analize roditeljstva sadnica krušaka, otkrivajući tako ženske i muške roditeljske biljke. Međutim, u slučajevima kada dobivena sjemena kruške pokazuju nisku vijabilnost, provođenje roditeljske analize na samim sjemenkama kruške moglo bi se koristiti kako bi se identificirao muški roditelj (uspješni oprašivač). U ovoj studiji, serije sjemena uzete su iz plodova triploidne kruške „Ingeborg“ („Conference“ × „Bonne Louise“), glavne komercijalne sorte kruške u Norveškoj. Zrele kruške sakupljene su iz osam komercijalnih voćnjaka krušaka smještenih u Ullensvangu, na 60° sjeverno, te je sakupljeno sjeme. Genomska DNK je izolovana iz dobijenih serija sjemena i genotipizirana pomoću 12 mikrosatelitskih markera. Isti markeri korišteni su i za genetičku karakterizaciju sorte „Ingeborg“ i pet genotipova krušaka koji se koriste kao oprašivači u uzorkovanim voćnjacima („Clara Frijs“, „Herzogine Elsa“, „Anna“, „Colorée de Juillet“ i „Belle lucrative“). Dobiveni SSR profili korišteni su u analizama očinstva, kao i za gensku assignment analizu. Oba su pristupa identificirala sortu „Clara Frijs“ kao najuspješnijeg oprašivača u većini uzorkovanih voćnjaka. Genotipizacija S-alela sorte „Ingeborg“ i pet genotipova krušaka koji se koriste kao oprašivači u uzorkovanim voćnjacima otkrili su da preferencijalno oprašivanje pojedinačnim genotipovima nije uzrokovano gametofitskom nekompatibilnošću ili polukompatibilnošću.

29. Ahmic, A., Mujkic, I., Ismailovic, A., Halilovic, E., Lasic, L., Kalamujic, B., Pojskic, N. (2019) **Analysis of the mitochondrial CYTB gene sequence in human populations of northeastern Bosnia. Anthropological Review, 82 (3):221-238. doi: 10.2478/anre-2019-0016 (SCOPUS)**

Izvod: Ova studija je prvi izvještaj o varijaciji sekvenci mitohondrijalnog citohrom b (MT-CYTB) gena u populacijama iz Bosne (sjeveroistočna Bosna). Istraživanje je

dizajnirano na analizi genskog diverziteta dviju populacija različitog kulturno-antropološkog i genetičkog porijekla, romske populacije i nativne/neromske populacije. Glavni cilj naše studije bio je procijeniti korisnost CYTB sekvence u analizi genetičke kategorizacije različitih populacija i međugrupnog diverziteta, kao i pružiti neke dodatne informacije o polimorfizmima povezanim s haplogrupama unutar CYTB regije u definiranju statusa haplogrupa. Procjena genskog diverziteta provedena je pomoću unutargrupnih i međugrupnih genetičkih indeksa. Populacijski specifični polimorfizmi pronađeni su u obje kategorije populacija. Analiza genetičke različitosti između parova promatranih populacija (pFST) ukazuje na značajnu diferencijaciju između romske i nativne populacije. Također, registrirana je značajna genetička diferencijacija na nivou genetičke varijacije između subpopulacija romskog i neromskog porijekla. Važan rezultat u našem istraživanju je potvrda značaja trijade T14783C-G15043A-G15301A polimorfizma, koji ukazuje na uticaj azijske komponente majčinskog genskog fonda na genetičku strukturu proučavane populacije Roma. Naši podaci pokazuju da haplogrupni polimorfizmi postoje u CYTB regiji i da mogu pružiti korisne informacije o haplogrupama koje su definirane samo kontrolnim regionom mtDNK. Rezultati ove studije pokazuju da region CYTB gena može biti od koristi u pružanju nekih dodatnih informacija u analizama genetičke strukture ljudskih populacija, te da se može dodatno primijeniti u populacijskim studijama.

30. **Rukavina, D., Zahirovic, A., Crnkic, C., Mackic-Durovic, M., Durmic-Pasic, A., Kalamujic Stroil, B., Pojskic, N. (2019) Usefulness of the 17-plex STR kit for Bosnian mountain horse genotyping. Genetika, 51 (2): 619-627. doi: 10.2298/GENSR1902619R (WOS, EBSCO)**

Izvod: U radu je primjenjena savremena tehnologija ekstrakcije DNK i automatska genotipizacija u bosanskohercegovačkoj autohtonoj pasmini konja koristeći 17-Plex STR kit. Cilj rada je bio istražiti korisnost 17-Plex STR kita za genotipizaciju Bosanskog brdskog konja i ustanoviti najkorisniji sistem mikrosatelitnih markera za studije genetičke raznolikosti na ovoj pasmini. Genomska DNK je ekstrahovana iz pune krvi sakupljene od 22 Bosanska brdska konja koji nisu bili u srodstvu. Ukupno je detektovano 95 alela. Prosječan broj alela po lokusu je iznosio 5,588, a prosječan broj efektivnih alela po lokusu je bio 3,603. Rezultati srednje vrijednosti uočene heterozigotnosti (0,631) su pokazali da je istraživana populacija potekla od odgovarajućeg broja roditeljskih generacija. Srednja vrijednost očekivane heterozigotnosti (0,690) je ukazala na postojanje visoke genetičke varijabilnosti unutar Bosanskih brdskih konja. Vrijednosti testa o sadržaju polimorfizma su pokazale da je 94,12% markera informativno i podesno za provjeru genetičke raznolikosti. Najveću polimorfnost je pokazao lokus HMS2, dok je za lokus HMS7 ustanovljena najmanja polimorfnost. Primjenjeni set od 17 mikrosatelitnih markera se pokazao koristan za upotrebu u genotipizaciji Bosanskog brdskog konja. Kada se uzimu u obzir vrijednosti standardnih parametara heterogenosti preko 0,6 (uočena i očekivana heterozigotnost, kao i test o sadržaju polimorfizma), pet mikrosatelitnih markera (HTG4, AHT4, AHT5, ASB2, HMS2) se pokazalo kao najkorisniji za studije genetičke raznolikosti na pasmini Bosanskog brdskog konja.

31. Kalamujić Stroil, B., Mušović, A., Škrijelj, R., Dorić, S., Đug, S., Pojskić, N. (2019) **Molecular-genetic diversity of the endangered Dalmatian barbelgudgeon, *Aulopyge huegelii* from the Buško Blato reservoir. *Genetica*, pp 1-12, doi.org/10.1007/s10709-019-00069-z (WOS, SCOPUS)**

Izvod: Iako su brojne studije istraživale različite biološke aspekte ugrožene vrste, *Aulopyge huegelii* Heckel, 1843 (oštrulj), molekularno-genetički podaci i dalje nedostaju. Cilj ovog istraživanja bio je procijeniti genetičku strukturu populacije *A. huegelii* iz akumulacije Buško Blato, na osnovu četiri mitohondrijske regije i pet mikrosatelitnih lokusa. Izuzimajući citohrom b, otkriveno je više od jednog haplotipa u svim sekvencama mtDNK regija, od kojih većina nije bila prethodno poznata. Otkriveno je ukupno sedam kompozitnih haplotipova. Nukleotidni diverzitet bio je relativno nizak za sve kodirajuće gene, ali nešto viši za kontrolnu regiju. Mikrosatelitna analiza otkrila je relativno visoku vrijednost učestalosti glavnih alela, niže vrijednosti uočene i očekivane heterozigotnosti, kao i umjereno smanjeni broj alela i genotipova za tri od pet posmatranih lokusa. Iako s jasnim trendom pada, nivo genetičke raznolikosti i dalje je dovoljan da osigura održanje populacije ukoliko se stresori uklone. U suprotnom, gubitak heterozigotnosti nastaviti će se, moguće do tačke potpunog nestanka oštrulja iz akumulacije Buško Blato.

32. Gasi, F., Frøynes, O., Kalamujić Stroil, B., Lasic, L., Pojskić, N., Fotirić Akšić, M., Meland, M. (2020) **S-genotyping and seed paternity testing of the pear cultivar ‘Celina’. *Agronomy*, 10, 1372; doi:10.3390/agronomy10091372 (WOS, SCOPUS, EBSCO)**

Izvod: Diploidna Celina/QTee® („Colorée de Juillet“ x „Williams“), jedna od najperspektivnijih sorti kruške razvijene u okviru norveškog oplemenjivačkog programa Graminor, puštena je na tržište 2010. U Norveškoj cvjetanje je srednje do kasno, dok plodovi sazrijevaju početkom septembra. Plodovi su atraktivni s intenzivnim crvenim rumenilom (50%) na zelenoj pozadini. Iako se „Celina“ uzgaja u klimatski najprikladnijoj regiji za uzgoj voća u Norveškoj, nepovoljni okolinski uslovi za oprašivanje krušaka mogu imati vrlo negativan uticaj na plodonošenje i posljedični prinos. Cilj ove studije bio je utvrditi S-alele kod sorte "Celina", kao i njene najčešće oprašivače, i kroz analizu očinstva kod sjemena sorte ‘Celina’, dati preporuku u vezi s najvažnijim oprašivačima ove sorte kruške. Da bi to postigli, ‘Celina’ i njeni potencijalni oprašivači su S-genotipizirani. Nakon žetve, genotipizirano je sjeme sakupljeno od ploda ‘Celina’ tokom 2017. i 2018. godine koristeći jedanaest mikrosatelitnih markera. Genomska DNK je takođe izolirana iz prikupljenog lisnog materijala sorte „Celina“, kao i iz pet sorti krušaka koje se koriste kao oprašivači u tri ispitivana voćnjaka, te analizirana koristeći isti set markera. Nakon toga, konstruirana je baza podataka SSR sekvencijskih ponavljanja i korištena za *assignment* analize s ciljem kvantificiranja doprinosa polena od strane pojedinih oprašivača. Dobijeni rezultati ukazuju na to da je sorta „Anna“, jedini ispitani oprašivač koji je bio u potpunosti međusobno kompatibilan sa sortom „Celina“, zajedno sa sortom „Fritjof“, genotipom koji imao najviše preklapanja cvjetanja sa sortom "Celina", najuspješniji oprašivač u odnosu na sva godišnja doba i analizirane voćnjake. Iako su obje sorte bile sveprisutne u ispitivanim voćnjacima, bilo kao najčešće zasađeno drveće ili kao grane unesene tokom perioda cvjetanja, samo su u po jednom voćnjaku bili

dominantni oprašivači. Stoga je moguće zaključiti da obilje oprašivača ima sekundarni značaj u uspjehu oprašivača u istraženim voćnjacima sorte „Celina“.

33. Meland, M., Fotirić Aksić, M., Pojskić, N., Kalamujić Stroil, B., Lasić, L., Gaši, F. (2020) Identifying pollen donors and success rate of individual pollinizers in european plum (*Prunus domestica* L.) using microsatellite markers. *Agronomy*, 10(2), 264. (WOS)

Izvod: Evropske sorte šljive (*Prunus domestica* L.) su heksaploidne i djelomično samooplodne ili autosterilne te zahtijevaju kompatibilne oprašivače sa preklapajućim vremenima cvjetanja. Stoga se preporučuje i uporedna sadnja različitih sorti oprašivača. Da bi se identifikovali uspješni oprašivači šljive sorte 'Edda', 'Opal' (samooplodni), 'Jubileum', 'Reeves', 'Mallard', 'Avalon', 'Čačanska Lepotica' (samooplodna) i 'Valor', sakupljeno je 60 plodova po sorti iz devet voćnjaka u 2017. i 2018. godini, lociranih u Ullensvangu, zapadna Norveška. Ekstrakcija DNK je izvršena iz dobijenih embriona, nakon čega je uslijedila genetička karakterizacija pomoću sedam mikrosatelitnih markera. Uzorci tkiva svih mogućih oprašivača prikupljeni su tokom ljeta 2017. godine te je na njih primjenjen ista molekularna metodologija. Rezultati su pokazali da je 'Opal' bio najuspješniji među oprašivačima ispitivane sorte šljive. Glavni izuzetak bila je „Čačanska Lepotica“, koja je dosljedno pokazivala vrlo visok nivo samooprašivanja. Najuspješniji strani oprašivač sorte 'Opal' bio je 'Mallard'. Međutim, u više od dvije trećine embrija izvađenih iz plodova 'Opal' utvrđena je samooplodnja. 'Reeves' je identificiran kao najuspješniji oprašivač među prikupljenim embrionima iz sorte "Valor". Među pet sorti ('Edda', 'Jubileum', 'Reeves', 'Mallard' i 'Avalon') koje nisu pokazale samooprašivanje, stopa uspješnosti oprašivača „Opal“ kretala se od 36,5% („Mallard“), 93,5% („Edda“) u 2017. godini, dok se u 2018. ta stopa kretala od 43,5% („Jubileum“ i „Reeves“) do 96,5% ("Edda"). Ukupno, genotipizacija embrija pomoću SSR-a (jednostavnih sekvencijskih ponavljanja) pokazala se efikasnom metodom u određivanju stope uspješnosti pojedinih oprašivača među evropskim sortama šljive.

34. Lasić, L., Ušanović, L., Čakić, S., Hanjalić, J., Kalamujić Stroil, B. (2020) First molecular detection of *Borrelia burgdorferi* sensu lato in *Ixodes ricinus* ticks collected from humans in the Sarajevo Canton (Bosnia and Herzegovina). *Systematic and Applied Acarology* 25(1):169-172 (WOS, EBSCO)

Izvod: *Borrelia burgdorferi* sensu lato je kompleks spiroheta koji uključuje pet patogenih vrsta koje uzrokuju lajmsku boreliozu (LB), najčešću bolest ljudi koju prenose krpelji. Ukupno je zabilježen 1081 slučaj LB u Bosni i Hercegovini u periodu od 2002. do 2018. godine prema statistikama ovlaštenih javnih zdravstvenih ustanova (<https://www.zzjzfbih.ba/>, <https://www.phi.rs.ba>). Međutim, do sada je u Bosni i Hercegovini provedeno samo jedno molekularno istraživanje kako bi se ispitala prevalencija *B. burgdorferi* sensu lato u *Ixodes ricinus* (Linnaeus, 1758) u prirodi. Iako se šest uzoraka pokazalo pozitivnim na *Rickettsia monacensis*, nijedan od 87 odraslih krpelja nije dao pozitivne nalaze za boreliju. Cilj ove studije bio je primjeniti nested PCR metodu za testiranje prisustva spiroheta iz *B. burgdorferi* sensu lato kompleksa kod krpelja *I. ricinus* uklonjenih s pacijenata koji su se javili u Centar za hitnu medicinsku

pomoć Kantona Sarajevo u periodu između marta i juna 2019. Elektroforetska analiza PCR produkata otkrila je da su 32 od 48 testiranih krpelja (66,70%) bila pozitivna na *B. burgdorferi* sensu lato, pokazujući fragmente veličine od 226–266 bp. Analiza sekvencijskih podataka identificirala je analizirane jedinke kao pripadnice vrsta *B. spielmanii* i *B. lusitaniae*. Rezultati ovog istraživanja predstavljaju prvu molekularnu potvrdu patogenih vrsta kompleksa *B. burgdorferi* sensu lato kod krpelja naseljenih na području Kantona Sarajevo, kao i onih vrsta s potencijalnim patogenim rizikom kao što je *B. lusitaniae*.

35. **Kalamujić Stroil, B., Stanić, M., Kalajdžić, A., Pojskić, N. (2020) Genetic characteristics of brook trout (*Salvelinus fontinalis* Mitchell, 1848) broodstocks from hatcheries in Bosnia and Herzegovina. Croatian Journal of Fisheries, 78, 4, 183-194, <http://dx.doi.org/10.2478/cjf-2020-0018> (EBSCO)**

Izvod: Najčešće uzgajane riblje vrste u Bosni i Hercegovini su iz porodice Salmonidae, uključujući i potočnu zlatovčicu (*Salvelinus fontinalis*) koju se uzgaja za prehranu i za potrebe poribljavanja. Na uzgajalištima je primjećena povećana učestalost anatomskih deformacija kod mlađi potočne zlatovčice koje uzrokuju smanjenje kondicije kod riba, a time i značajne financijske gubitke. S obzirom da je dokazano da je pojava deformacija u korelaciji s niskom genetičkom raznolikošću i visokom stopom uzgoja u srodstvu, ova studija je imala za cilj procijeniti unutar i međupopulacijsku raznolikost *Salvelinus fontinalis* iz različitih ribogojilišta u Bosni i Hercegovini na osnovu varijacija mitohondrijskog i nuklearnog genoma. Primjenom mitohondrijskog kontrolnog područja i sedam nuklearnih mikrosatelitnih lokusa analizirano je ukupno 109 uzoraka potočne zlatovčice iz tri ribogojilišta locirana na rijeci Neretvi. Metoda PCR-RFLP i metoda sekvenciranja pokazale su samo jedan haplotip kontrolnog područja u svim istraživanim jedinkama. Uočen je mali broj genotipova za sve promatrane mikrosatelitne lokuse. Vrijednost genetičke raznolikosti i sadržaj informativnog polimorfizma pratili su porast u broju alela po lokusu. Općenito, vrijednost koeficijenta uzgoja u srodstvu bio je generalno veoma visok, dok su genetska raznolikost i uočena heterozigotnost imali niske stope. Rezultati provedene studije u suglasnosti su s rezultatima prethodnih istraživanja u kojima su razvojne deformacije bile praćene niskom genetičkom raznolikošću i *inbreeding* depresijom. Stoga se posebno preporuča redovno nadopunjavanje matičnog jata novim, nesrodnim jedinkama s obzirom da je to od presudnog značaja za održanje zadovoljavajuće razine genetičke raznolikosti i sprečavanje *inbreeding* depresije. Također, održavanje dobre prakse upravljanja u pogledu fluktuacije temperature vode, izloženosti zagađenju, prehrane itd. će dodatno prevenirati nastanak ovog štetnog stanja.

36. **Meland, M., Frøyenes, O., Gasi, F., Kalamujić-Stroil, B. and Lasic, L. (2020) Identifying successful pollinizers of plum cultivars 'Edda' and 'Opal' in Ullensvang, Norway, using microsatellites. Acta Horticulturae, 1281, 285-288. (SCOPUS)**

Izvod: U cilju identifikacije uspješnih polinatora kultivara šljive 'Edda' i 'Opal', uzorkovano je 60 zrelih plodova dobivenih slobodnim oprašivanjem oba kultivara u jesen 2017. Plodovi su uzorkovani u tri različita voćnjaka locirana u Ullensvangu, glavnoj regiji za uzgoj voća u Norveškoj. Nakon berbe, košpa je odvojena od voća i korištena je

za ekstrakciju embrija lociranog unutar svake košpe. U isto vrijeme, uzorkovani su listovi kultivara ‘Edda’ i ‘Opal’, kao i listovi ostalih kultivara prisutnih na lokalitetu i okolnim voćnjacima (‘Mallard’, ‘Jubileum’, ‘Reeves’, ‘Avalon’, ‘Valor’, ‘Čačanska lepota’ i ‘Herman’). Izolacija DNK je vršena iz uzoraka embrija i listova, i korištena je za genotipizaciju koristeći sedam mikrosatelitnih markera. Podaci o mikrosatelitima su korišteni za provođenje analize očinstva na osnovu logaritamskog omjera vjerovatnoće, pri čemu su informacije o DNK fingerprintingu dobijene od uzoraka lista bile porijeklom od potencijalnih donora polena na lokalitetu. Rezultati su pokazali da je najuspješniji oprašivač autosterilnog kultivara ‘Edda’ zapravo ‘Opal’ u svim istraživanim voćnjacima. Najuspješniji strani oprašivač kultivara ‘Opal’ je ‘Mallard’. Međutim, više od dvije trećine embrija uzorkovanih iz ploda ‘Opal’ nije imalo nijedan alel koji nije ranije pronađen kod kultivara ‘Opal’, što je očekivano, budući da ovaj kultivar može vršiti samooplodnju. Europske šljive su heksaploidne što čini očitavanje alela i testova očinstva kompliciranim. No, pristup korišten u ovoj studiji daje jasne odgovore o najuspješnijim oprašivačima.

37. **Mušović, A., Škrijelj, R., Gajević, M., Kalamujić Stroil, B., Vesnić, A., Mitrašinić-Bručić, M., Đug, S. (2020) Long-term trends in the structure and dynamics of the fish communities in Buško blato reservoir. Croatian Journal of Fisheries, 78, 2, 69-78. (EBSCO)**

Izvod: Akumulacija Buško Blato, treća najveća hidroakumulacija u Europi, smještena je u jugoistočnom dijelu krškog Livanjskog polja. Ovaj vodeni ekosustav odlikuje se vrlo bogatom ihtiofaunom i prisutnošću četiri endemske vrste riba. Ihtiofauna Buškog Blata bila je izložena promjenama različitih ekoloških čimbenika, što se odrazilo na strukturu i sastav ribljih populacija. Glavni cilj ovog rada bio je procijeniti trenutno stanje i predvidjeti buduće trendove u strukturi i dinamici ihtiofaune na temelju prikupljenih terenskih podataka i sveobuhvatnih analiza iz literaturnih podataka. Rezultati istraživanja pokazali su prisutnost 11 vrsta riba iz četiri porodice, što je najveći broj vrsta riba ikada zabilježenih u ovom ekosustavu. *Sander lucioperca*, *Lepomis gibbosus*, *Pseudorasbora parva*, i *Tinca tinca* prvi su put zabilježeni u ovom ekosustavu, dok neke prethodno zabilježene vrste nisu pronađene. Rezultati analiza jasno ukazuju na prisutnost prirodne interspecifične konkurencije i značajnu razinu ugroženosti

38. **Lasic, L., Kalajdzic, A., Kalamujic Stroil, B., Pojskic, L., Hanjalic, J., Usanovic, L., Pojskic, N. (2020) Molecular Variation of Rh, MN, Duffy, Kidd, Kell, and Lutheran Blood Groups in the Human Population of Bosnia and Herzegovina. Human Biology Open Access Pre-Prints, 179. https://digitalcommons.wayne.edu/humbiol_preprints/179 (WOS, SCOPUS)**

Izvod: U ovoj studiji analizirano je šest krvnih grupa (Rh, MN, Duffy, Kidd, Kell i Lutheran) u tri glavne etničke skupine (Bošnjaci, bosanski Hrvati i bosanski Srbi), unutar ukupne populacije Bosne i Hercegovine promatrane kroz deset regionalnih subpopulacija (Krajina, Posavina, sjeveroistočna Bosna, istočna Bosna, srednja Bosna, centralna Bosna, sarajevska regija, istočna Hercegovina, centralna Hercegovina i zapadna Hercegovina). Ovo je prva studija koja uvodi molekularno-genetičko testiranje pet krvnih grupa unutar

stanovništva Bosne i Hercegovine, s izuzetkom RhD krvne grupe. Uzorak je obuhvatio 450 briseva bukalne sluznice nesrodnih individua. Pet sistema krvnih grupa (RhD, RhC, RhE, Kidd, MN) genotipizirano je PCR-SSP metodom, dok su tri sistema krvnih grupa (Kell, Duffy, Lutheran) genotipizirana PCR-RFLP metodom. Uočene su manje varijacije genskog diverziteta unutar tri glavne etničke skupine u BiH, kao i unutar deset subpopulacija promatranih prema geografskim kriterijima. Nije primijećena genetička diferencijacija među etničkim skupinama. Ovi se rezultati slažu s rezultatima prethodnih studija zasnovanih na različitim molekularno-genetičkim markerima, koji ukazuju na to da tri etničke skupine Bosne i Hercegovine pripadaju istom genskom fondu. Sličan nivo genetičke varijacije uočen je unutar regionalnih subpopulacija bez značajne genetičke diferencijacije među njima. Usporedba unutarpopulacijskog genskog diverziteta bosanskohercegovačke populacije sa ostalim evropskim i neevropskim populacijama, na osnovu tri lokusa (RHD, MN i KEL), jasno je pokazala da je nivo genskog diverziteta bosanskohercegovačke populacije u okvirima evropskog opsega.

2.1.3 Objavljeni naučnoistraživački radovi u ostalim bazama podataka prije izbora u zvanje docenta:

39. Marjanović, D., Pojskić, N., Kalamujić, B., Bakal, N., Haverić, S., Haverić, A., Durmić, A., Kovacević, L., Drobnič, K., Hadziselimović, R., Primorac, D. (2006) Most recent investigation of peopling of Bosnia and Herzegovina: DNA approach; *Documenta Praehistorica XXXIII, Neolithic Studies* 13
40. Pojskic, N., Marjanovic, D., Silajdzic, E., Lasic, L., Kalamujic, B., Kapur, L. (2010) Concordance of different genetic markers in human population studies. *European Journal of Human Genetics*, 18(1):253

2.1.4 Objavljeni naučnoistraživački radovi u ostalim bazama podataka nakon izbora u zvanje docenta:

41. **Leese, F. et al. (2016) DNAqua-Net: Developing new genetic tools for bioassessment and monitoring of aquatic ecosystems in Europe. *Research Ideas and Outcomes*, 2: e11321**

Izvod: Zaštita, očuvanje i obnavljanje vodenih ekosistema i njihove funkcije od globalnog su značaja. Za evropske države postalo je pravno obavezujuće uglavnom putem Okvirne direktive o vodama EU (ODV). Da bi se procijenio ekološki status datog vodnog tijela, dobijaju se podaci o vodenoj biološkoj raznolikosti koji se upoređuju sa referentnim vodnim tijelom. Dobivena kvantifikovana neusklađenost određuje opseg potencijalnih upravljačkih radnji. Trenutni pristup procjeni biološke raznolikosti zasnovan je na morfo-taksonomiji. Ovaj pristup ima brojne nedostatke, poput dugotrajnosti, ograničenosti u vremenskoj i prostornoj rezoluciji te sklonosti greškama zbog različite individualne taksonomske stručnosti analitičara. Novi genomske alati mogu

prevladati mnoge od gore spomenutih problema i mogu dopuniti ili čak zamijeniti tradicionalnu bioprocjenu. Ipak, mnoštvo pristupa se nezavisno razvija u različitim institucijama, što ometa bilo kakvu usklađenu rutinsku primjenu. Cilj ove akcije je povezati skupinu istraživača iz različitih disciplina sa zadatkom da identificiraju zlatne standarde genomskih alata i nove ekogenomske indekse za rutinsku primjenu u procjenama biološke raznolikosti evropskih slatkih i morskih vodnih tijela. Dalje, DNAqua-Net će pružiti platformu za obuku sljedeće generacije evropskih istraživača pripremajući ih za nove tehnologije. Zajedno sa upravljačima, političarima i drugim zainteresovanim stranama, grupa će razviti DNAqua-Net: Razvoj novih genetičkih alata za bioprocjenu i praćenje konceptualnog okvira za standardnu primjenu ekogenomskih alata kao dio pravno obavezujućih procjena.

2.1.5 Osvrt Komisije na originalne naučne radove kandidatkinje:

Nakon uvida u strukturu i sadržaj objavljenih radova doc. dr. Belme Kalamujić Stroil, zaključujemo da cjeloviti naučni opus kandidatkinje obuhvaća **41** originalni naučni rad, njih 38 referirani su u relevantnim međunarodnim bazama podataka a 3 u ostalim bazama. Originalni naučni radovi kandidatkinje najvećim dijelom pripadaju oblastima populacijske genetike i konzervacijske biologije te stoga imaju veliki aplikativni značaj. Budući da se kandidatkinja bira u oblast Molekularna biologija važno je istaći da u svojem naučnom radu, ona uspješno primjenjuje metode molekularne biologije u donošenju zaključaka o populacijama i vrstama, osobito onima koje smatramo važnim prirodnim resursima, autohtonim i često endemičnim sa uskim arealom, koje je potrebno adekvatno zaštititi shodno procijenjenoj ugroženosti.

Prije izbora u zvanje docent, kandidatkinja je publicirala 10 originalnih naučnih radova: 8 referiranih u relevantnim međunarodnim bazama podataka, iz oblasti humane forenzičke (1, 2) i humane populacijske genetike (4, 6) populacijske genetike riba (3, 7), autohtonih pasmina konja (8) i poljoprivrednih/voćnih sorti (5) te dva naučna rada iz oblasti forenzičke genetike (39, 40), referirana u ostalim bazama podataka. Već se u ranom naučnom opusu kandidatkinje može primijetiti njena opredijeljenost ka zaštiti autohtonog genofonda koji se jasno profilirao u brojnim publikacijama koje su uslijedile nakon izbora, u periodu do 2021. godine kada kandidatkinja aplicira za zvanje vanredni profesor.

Nakon izbora u zvanje docent, kandidatkinja je publicirala čak 30 originalnih naučnih radova: 29 referiranih u relevantnim međunarodnim bazama podataka, te jedan naučni rad iz oblasti primijenjene bioinformatike (41), referiran u ostalim bazama podataka. Detaljnim uvidom konstatujemo da publicirani radovi većinom predstavljaju populacijsko-genetičke studije značajne aplikativne vrijednosti. Korištenjem molekularnih markera i molekularno genetičkih metoda, kandidatkinja u svojim istraživanjima obuhvaća arhaične i recentne humane populacije, animalne i biljne populacije autohtonih pasmina i sorti te endemičnih vrsta, čime značajano doprinosi poznavanju i očuvanju genofonda Bosne i Hercegovine.

Naučni doprinos u smislu procjene genetičkog diverziteta i njegove konzervacije imaju populacijsko-genetičke studije humanih arhaičnih (12) i recentnih populacija (23, 29, 38) te autohtonih pasmina pasa (9) i endemičnih vrsta životinja (13, 22, 24, 31, 37); potom voćnih sorti: jabuka (11, 14, 19), krušaka (28, 32), kestena (21), malina (20), borovnice (25),

šljiva (26, 33, 36) te endemičnog biljnog fonda (17, 18). Publikacije iz oblasti bioinformatike značajne su zbog uspostave baza podataka i opisa novih oruđa koji će naći primjenu u monitoringu akvatičnih ekosistema (15, 27). Važno je spomenuti i istraživanje doc. dr. Kalamujić Stroil, od značaja za javno zdravstvo BiH, a koje predstavlja prvu molekularnu potvrdu patogenih vrsta kompleksa *B. burgdorferi* sensu lato u jedinkama krpelja *Ixodes ricinus* na području Kantona Sarajevo (34).

2.1.6 Objavljeni stručni radovi prije izbora u zvanje docenta:

1. Marčić, Z., Mrdak, D., Milošević, D., Simonović, P., Piria, M., Kalamujić, B., Weiss, S., Freyhof, J. (2014) Halting the loss of biodiversity – the huchen in the Danube. Saving freshwater fishes and habitats, Newsletter of the IUCN SSC/WI Freshwater Fish Specialist Group, 5: 18-19.

2.1.7 Objavljeni stručni radovi nakon izbora u zvanje docenta:

1. Meland, M., Hatteland, B.A., Gasi, F., Kalamujic, B., Lasic, L., Pojskic, N., Asdal, Å. (2015) DNA analysar av eplesortar i Noreg. Norsk frukt og bær, 2:26-28.

2.2 Učešće u naučnoistraživačkim i stručnim projektima

2.2.1 Učešća u projektima prije izbora u zvanje docenta:

- 2003-2004 DNK identifikacija autohtonih bosansko-hercegovačkih populacija potočne pastrmke (*Salmo trutta m. fario*) gornjeg toka rijeke Neretve i nekih njenih pritoka. Projekat podržan od strane Federalnog ministarstva obrazovanja i nauke.
- 2003-2008 REBIDA (Regional Biodiversity Database). Projekat podržan od strane INGEBa.
- 2004-2006 Genetička karakterizacija bh. prirodnih resursa - faza II. Projekat podržan od strane Ministarstva obrazovanja i nauke Kantona Sarajevo.
- 2005 Management of freshwater fisheries on bordering rivers – pilot study with a holistic regional approach. Zajednički projekat s vladom Kraljevine Norveške.
- 2006-2008 Procjena genetičkog diverziteta u bh. populacijama lipljana (*Thymallus thymallus* L.). Projekat podržan od strane INGEB-a.
- 2007 DNK karakterizacija bh. autohtonih animalnih resursa. Projekat podržan od strane Federalnog ministarstva obrazovanja i nauke.
- 2007 Mogući faktori genetičke varijacije u stanovništvu Bosne i Hercegovine. Projekat podržan od strane Ministarstva obrazovanja i nauke Kantona Sarajevo.

- 2007 Molekularno-genetička determinacija autohtonih bh. populacija mladice (*Hucho hucho*). Projekat podržan od strane Ministarstva obrazovanja i nauke Kantona Sarajevo.
- 2007-2010 Genetička determinacija endemičnih vrsta iz špiljskog sustava Vjetrenica u cilju podizanja znanja o biodiverzitetu u FBiH. Projekat podržan od strane Federalnog ministarstva okoliša i turizma.
- 2007-2011 Molekularno-genetička karakterizacija “public” krvnih grupa u stanovništvu Bosne i Hercegovine. Projekat podržan od strane INGEB-a.
- 2007-2009 Molekularno-genetička identifikacija autohtonog bosanskohercegovačko-hrvatskog pastirskog psa tornjaka. Projekat podržan od strane INGEB-a. Zajednički projekat sa Veterinarskim fakultetom Univerziteta u Sarajevu.
- 2007-2010 Molekularno-genetička identifikacija autohtonog bosansko-hercegovačkog brdskog konja. Projekat podržan od strane INGEB-a. Zajednički projekat sa Veterinarskim fakultetom Univerziteta u Sarajevu.
- 2007-2008 DNK analiza skeletnih ostataka iz masovne grobnice Škofja Loka, Slovenija – faza I. Projekat podržan od strane Općine Škofja Loka, Republika Slovenija.
- 2008-2010 Identifikacija autohtonih bh. salmonidnih populacija ranog toka rijeke Neretve. Projekat podržan od strane Federalnog ministarstva obrazovanja i nauke.
- 2008-2010 Genetička karakterizacija i analiza slatkovodnih spužava, kao indikatora čistoće voda i vrijednog izvora bioaktivnih tvari u vodotocima FBiH. Projekat podržan od strane Federalnog ministarstva obrazovanja i nauke.
- 2008-2009 Genetička struktura salmonoidnih populacija bh. rijeka Savskog sliva. Projekat podržan od strane Agencije za vodno područje rijeke Save.
- 2008-2010 Genetska i pomološka varijabilnost prisutna kod autohtonog genofonda jabuke u BiH. Projekat podržan od Federalnog ministarstva poljoprivrede, vodoprivrede i šumarstva. Zajednički projekat sa Poljoprivredno-prehrambenim fakultetom Univerziteta u Sarajevu.
- 2010-2012 Razvoj planinskog turizma na osnovu rezultata genetičke karakterizacije animalnih resursa bh. planinskih jezera. Projekat podržan od strane Federalnog ministarstva okoliša i turizma.
- 2010-2011 Primjena rezultata genetičke analize raznolikosti prenjškog daždevnjaka (*Salamandra atra prenjensis*) s ciljem razvoja novih ekoturističkih sadržaja. Projekat podržan od strane Federalnog ministarstva okoliša i turizma.

- 2010-2011 Procjena procjena ugroženosti bh. endemične vrste *Moltkia petraea* (tratt.) Griseb primjenom molekularno-genetičkih markera. Projekat podržan od strane Fonda za zaštitu okoliša Federacije Bosne i Hercegovine.
- 2011-2012 TroutSNP chip based autochthonous populations' detection, characterization and conservation. The project supported by International Centre for Genetic Engineering and Biotechnology (ICGEB) (kroz CRP – ICGEB Research Grant No CRP/BOS10-01.
- 2012 Procjena početnog stanja genetičkog diverziteta salmonida u cilju zaštite autohtonih ihtiopopulacija u rijeci Neretvi i njenim pritokama. Projekat podržan od strane Fonda za zaštitu okoliša FBiH.
- 2012 Polimorfizam mtDNK u procjeni historijske starosti bh. ljudskih populacija. Projekat podržan od strane Federalnog ministarstva obrazovanja i nauke.
- 2012-2013 Edukativni projekat: "Atrina mala škola ekologije". Projekat podržan od strane Ministarstva prostornog uređenja, građenja i zaštite okoliša Kantona Sarajevo – **voditeljica projekta.**
- 2014-2015 Detekcija molekularno-genetičkih pokazatelja hibridizacije salmonidnih vrsta u rijeci Neretvi i antropogene introdukcije potočne pastrmke iz crnomorskog sliva. Projekat podržan od strane Fonda za zaštitu okoliša FBiH – **voditeljica projekta.**
- 2014 Evaluacija voćarskih, genetskih resursa BiH u cilju održive, komercijalne utilizacije.
- 2014 Edukativni projekat: "Atrina mala škola ekologije II". Projekat podržan od strane Ministarstva obrazovanja i nauke Kantona Sarajevo – **voditeljica projekta.**
- 2015 Edukativni projekat: "Živim svoj okoliš". Projekat podržan od strane Ministarstva prostornog uređenja, građenja i zaštite okoliša Kantona Sarajevo – **voditeljica projekta.**

2.2.2 Učešća u projektima nakon izbora u zvanje docenta:

- 2015 Molekularno-genetički pokazatelji ugroženosti bh. endemične vrste *Silene sendtneri* Boiss. u Kantonu Sarajevo. Projekat podržan od strane Ministarstva prostornog uređenja, građenja i zaštite okoliša Kantona Sarajevo.
- 2015 DNA analysis of old apple cultivar in Norway. Projekat podržan od strane The Norwegian Genetic Resource Centre (NGRC) – **glavni istraživač.**

- 2015-2016 New Norwegian pear cultivars. Projekat podržan od strane The Norwegian Research Council – **glavni istraživač.**
- 2015-2016 Genetic and bioactivity characterization of some endemic B&H Lamiaceae. Projekat podržan od strane International Centre for Genetic Engineering and Biotechnology (ICGEB).
- 2016 Razvoj i informaciono unapređenje Regionalne baze podataka o biodiverzitetu – REBIDA. Projekat podržan od strane Federalnog ministarstva obrazovanja i nauke – **voditeljica projekta.**
- 2016 DNK analiza populacija krpelja sa najfrekvencijih izletišta na teritoriji Kantona Sarajevo na prisustvo bakterija iz roda Borrelia, uzročnika lajmske bolesti. Projekat podržan od strane Ministarstva obrazovanja, nauke i mladih Kantona Sarajevo – **voditeljica projekta.**
- 2017 Increased volume of Norwegian grown plums for the fresh fruit market. Projekat podržan od strane the Norwegian Research Council.
- 2017 Razvoj DNK barkod segmenta u okviru regionalne baze biodiverziteta - REBIDA - faza II. Projekat podržan od strane Ministarstva obrazovanja, nauke i mladih Kantona Sarajevo.
- 2018 Unapređenje DNK barkod segmenta u okviru Regionalne baze o biodiverzitetu-REBIDA- faza II. Projekat podržan od strane Fonda za zaštitu okoliša FBiH – **voditeljica projekta.**
- 2018 Identifikacija genetičkih indikatora fitoremedijacionog potencijala autohtonih bh biljaka. Projekat podržan od strane Fonda za zaštitu okoliša FBiH – **voditeljica projekta.**
- 2018 Skakavac – prirodna vrijednost i rijetkost Kantona Sarajevo. Projekat podržan od strane Ministarstva obrazovanja, nauke i mladih Kantona Sarajevo – **voditeljica projekta.**
- 2018 Makrozoobentos kao indikator biodiverziteta i kvalitete staništa hidroekosistema Spomenika prirode Skakavac. Projekat podržan od strane Fonda za zaštitu okoliša FBiH – **voditeljica projekta.**
- 2019 Molekularno-genetička karakterizacija krpelja na prisustvo bakterija iz roda Borrelia u Kantonu Sarajevo. Projekat podržan od strane Ministarstva obrazovanja, nauke i mladih Kantona Sarajevo

- 2019-2021 Primjena savremenih molekularno-genetičkih metoda u procjeni statusa dvaju bh. stenoendemskih vrsta roda *Alyssum* s ciljem njihove konzervacije i utilizacije. Projekat podržan od strane Ministarstva obrazovanja, nauke i mladih Kantona Sarajevo – **voditeljica projekta.**
- 2019 Procjena genetičkog diverziteta i prijedlog mjera konzervacije ugroženog stenoendema *Alyssum moellendorffianum* Aschers. et G. Beck. Projekat podržan od strane Fonda za zaštitu okoliša FBiH – **voditeljica projekta.**
- 2020 Biodiverzitet krpelja na javnim zelenim površinama u gradu Sarajevu sa osvrtom na biodiverzitet krpeljski prenosivih spiroheta. Projekat podržan od strane Fonda za zaštitu okoliša FbiH
- 2020 Apple pollination (Eplepollinering) for increased fruit set yield and fruit quality. Projekat podržan od strane The Research Council of Norway – **glavni istraživač**
- 2020 Educational Capacity Strengthening for Risk Management of Non-native Aquatic Species in Western Balkans (Albania, Bosnia and Herzegovina and Montenegro) - RiskMan. Projekat podržan od strane Cooperation for the innovation and the exchange of good practices program-Capacity Building Projects in the Field of Higher Education-Joint Projects action
- 2020-2023 Development of master curricula in ecological monitoring and aquatic bioassessment for Western Balkans HEIs – ECOBIAS. Projekat podržan od strane Cooperation for the innovation and the exchange of good practices program-Capacity Building Projects in the Field of Higher Education-Joint Projects action

2.2.3 Učešće u COST akcijama:

1. **CA18134 – G-BiKE** – Genomic biodiversity knowledge for resilient ecosystems. **Uloga:** Vođa radne grupe V „Knowledge dissemination“, MC zamjenik, lokalni organizator konferencije
2. **CA15219 – DNAquaNet** - Developing new genetic tools for bioassessment of aquatic ecosystems in Europe. **Uloga:** STSM koordinator, MC predstavnik, lokalni organizator konferencije
3. **CA18238 – Ocean4Biotech** - European transdisciplinary networking platform for marine biotechnology. **Uloga:** MC predstavnik

2.3 Učešće na naučnim skupovima u zemlji i inostranstvu

2.3.1 Kongresna priopćenja prije izbora u zvanje docenta:

1. Durmic-Pasic, A., Pojskic, N., Kalamujic, B., Hadziselimovic, R. (2005) Genetic characterization of fish populations and its use in landscape conservation in Bosnia and Herzegovina, Book of proceedings of International workshop: "The role of biotechnology for the characterization and conservation of crop, forestry, animal and fishery genetic resources", Turin, Italy.
2. Marjanović, D., Pojskić, N., Durmić, A., Kapur, L., Haverić, S., Haverić, A., Bakal, N., Kalamujić, B., Bošnjak, Dž., Bajrović, K., Hadžiselimović, R. (2005) Overview of population genetic studies based on phenotype and molecular markers in Bosnia and Herzegovina during the last three centuries, Final program and abstracts of "The fourth European-American school in forensic genetics and Mayo Clinic course in advanced molecular and cellular medicine", Dubrovnik, Croatia: 93
3. Kalamujic, B., Pojskic, N., Durmic-Pasic, A., Skrijelj, R., Hadziselimovic, R. (2007) Genetic diversity of grayling (*Thymallus thymallus* L.) populations in Bosnia-Herzegovina, poster, XII European congress of ichthyology, Cavtat, Croatia, Book of abstracts 32
4. Pojskic, N., Durmic-Pasic, A., Kalamujic, B., Skrijelj, R., Hadziselimovic, R. (2007) Brown trout (*Salmo trutta* m. *fario*) population structure in Sava watershed inferred from nuclear and mitochondrial DNA markers, poster, XII European congress of ichthyology, Cavtat, Croatia, Book of abstracts 44
5. Durmic-Pasic, A., Kalamujic, B., Pojskic, N., Hadziselimovic, R. (2007) Simultaneous amplification of six microsatellite loci in three Salmonid species, poster, XII European congress of ichthyology, Cavtat, Croatia, Book of abstracts 26
6. Durmic-Pasic, A., Pojskic, N., Kalamujic, B., Hadziselimovic, R. (2007) Genetic subdivision of endemic species *Salmothymus obtusirostris oxyrhynchus* Heckel population in Neretva river, poster, XII European congress of ichthyology, Cavtat, Croatia, Book of abstracts 184
7. Kalamujić, B., Pojskić, N. (2008) The use of genetic markers in biodiversity conservation and the development of domestic production - the case of grayling (*Thymallus thymallus* L.) in Bosnia and Herzegovina, oral, VI Symposium of Agriculture, Veterinary, Forestry and Biotechnology, Goražde, B&H
8. Kalamujić, B. (2008) Retrospective of molecular-genetic characterization of indigenous and endemic salmonid resources in B&H, oral, International symposium on "Molecular-genetic research today and the possibilities of its application", Tuzla, B&H
9. Kalamujic, B., Durmic-Pasic, A., Pojskic, N. (2009) Genetic indices of vulnerability status of marble trout (*Salmo marmoratus* Cuvier) populations in river Neretva, Bosnia and Herzegovina, oral, Second European Congress of Conservation Biology, Prague, Czech Republic
10. Kalamujić, B. (2010) Introduction to molecular diagnostics of infectious diseases of bees, planar, Symposium on important infectious diseases of bees and bee brood, Sarajevo, B&H

11. Škrijelj, R., Kalamujić, B., Pojskić, N. (2011) Retrospective of previous studies of salmonid populations in Bosnia and Herzegovina, the current status and directions of future activities, oral, Environmental protection in the XXI century, Žabljak, Montenegro, Proceedings of the Conference 193.
12. Hasicic, S., Kalamujic, B., Tulic, U., Silajdzic, E., Lasic, L., Pojskic, N. (2011) Evaluation of molecular genetic diversity of species *Moltkia petraea* (Tratt.) Griseb in B&H, poster, The First Symposium of Geneticists in Bosnia and Herzegovina, Sarajevo, B&H, Abstract Book 42.
13. Sunje, E., Kalamujic, B., Tulic, U., Pojskic, N. (2011) Assessment of genetic diversity of the population of Prenj salamander (*Salamandra atra prenjensis*, Mikšić, 1969) for the purpose of its protection, poster, The First Symposium of Geneticists in Bosnia and Herzegovina, Sarajevo, B&H, Abstract Book 41.
14. Lasic, L., Silajdzic, E., Kalamujic, B., Pojskic, N. (2011) Molecular genotyping of Rh, NN, Duffy, Kidd, Kell and Lutheran blood systems in B&H population, poster, The First Symposium of Geneticists in Bosnia and Herzegovina, Sarajevo, B&H, Abstract Book 39.
15. Silajdzic, E., Lasic, L., Kalamujic, B., Pojskic, N. (2011) Alu polymorphisms in the population of Bosnia and Herzegovina, poster, The First Symposium of Geneticists in Bosnia and Herzegovina, Sarajevo, B&H, Abstract Book 38.
16. Ahmic, A., Pojskic, N., Hadziselimovic, R., Silajdzic, E., Kalamujic, B., Bajrovic, K. (2011) Polymorphisms of mitochondrial DNA in the local human populations of Tuzla region, oral, The First Symposium of Geneticists in Bosnia and Herzegovina, Sarajevo, B&H, Abstract Book 29.
17. Silajdzic, E., Lasic, L., Kalamujic, B., Pojskic, N. (2011) Genetic structure of human populations in Bosnia and Herzegovina based on 10 Alu and 8 blood group polymorphic DNA loci, poster, The 7th Conference in forensic, anthropologic and medical genetics and Mayo clinic lectures in translational medicine.
18. Kalamujic, B., Škrijelj, R., Pojskic, N. (2015) Genetic diversity of contemporary populations of *Salmo trutta* L. in the basin of the River Neretva, Bosnia and Herzegovina. *Frontiers in Marine Science*, doi: 10.3389/conf.fmars.2015.03.00049.
19. Kalamujić, B., Mašović, M., Pojskić, N., Škrijelj, R. (2015) Comparative analysis of molecular genetic indicators of *Rutilus rutilus* x *Abramis brama* hybridization and two morphological indicators applicable for rapid field screening, poster, The XV European congress of ichthyology, Porto, Portugal.
20. Kalamujić, B., Škrijelj, R., Pojskić, N. (2015) Genetic diversity of contemporary populations of *Salmo trutta* L. in the basin of the river Neretva, Bosnia and Herzegovina, oral, The XV European congress of ichthyology, Porto, Portugal, Abstract Book 86.
21. Pojskic, N., Kalamujic, B. (2015) Simulations based on molecular-genetic data in detection of expansion *Salmo trutta* allochthonous population in the Neretva river's tributaries, poster, 27th International congress for conservation biology & 4th European congress for conservation biology, Montpellier, Francuska, Abstract Book 539.

2.3.2 Kongresna priopćenja nakon izbora u zvanje docenta:

22. Kanlic, K., Kalamujic, B., Pojskić, N., Grahic, J., Asdal, Å., Meland, M., Gasi, F. (2015) Genetic structure and differentiation among North and South European apple germplasm, The XIV Eucarpia Fruit Breeding and Genetics Symposium, Bologna, Italy.
23. Kalamujić Stroil, B., Čolović, T., Dorić, S., Lasić, L., Hanjalić, J. (2017) Sensitivity analysis of lactate dehydrogenase (LDH) marker in the detection of intraspecific hybrids of brown trout (*Salmo trutta* L.). The first Southeast European Ichthyological Conference (SEEIC), September 27-29, Sarajevo, BiH, Abstract book 27.
24. Kalamujić Stroil, B., Dorić, S., Hanjalić, J., Lasić, L., Pojskić, N. (2017) The first regional database of biodiversity - REBIDA and REBIDA scanner. The first Southeast European Ichthyological Conference (SEEIC), September 27-29, Sarajevo, BiH, Abstract book 30.
25. Hanjalić, J., Dorić, S., Lasić, L., Pojskić, N., Kalamujić Stroil, B. (2017) Molecular-genetic characterization of farmed *Salvelinus fontinalis* (Mitchill, 1814) based on mtDNA control region. The first Southeast European Ichthyological Conference (SEEIC), September 27-29, Sarajevo, BiH, Abstract book 26.
26. Pojskić, N., Lasić, L., Hanjalić, J., Dorić, S., Kalamujić Stroil, B. (2017) Studying salmonids in Bosnia and Herzegovina: past, present and future. The first Southeast European Ichthyological Conference (SEEIC), September 27-29, Sarajevo, BiH, Abstract book 44.
27. Pojskić, N., Lasić, L., Hanjalić, J., Dorić, S., Kalamujić Stroil, B. (2017) Contemporary population genetic analyses in the assessment of freshwater endemic species diversity. The first Southeast European Ichthyological Conference (SEEIC), September 27-29, Sarajevo, BiH, Abstract book 45.
28. Pojskic, L., Durmic-Pasic, A., Haveric, S., Kalamujic, B., Cakar, J., Bajrovic, K., Pojskic, K. (2017) Knowledge on biodiversity as a platform for competitive biotechnology development in Bosnia and Herzegovina. Smart Specialization Strategy in the Field of Biotechnologies in Europe: A Challenge for CEE Region. Bratislava, Slovakia, Book of abstracts.
29. Meland, M., Gasi, F., Kurtovic, M., Kalamujic, B., Pojskic, N., Lasic, L. (2017) Microsatellites as a tool for identifying successful pollinators of the pear cultivar 'Ingeborg' in Ullensvang, Norway. 1st International Symposium on Flowering, Fruit Set and Alternate Bearing, June 19-23, Palermo, Italy. Book of abstracts, pp: 27.
30. Kalamujić Stroil, B., Lasić, L., Dorić, S., Hanjalić, J., Pojskić, N. (2017) REBIDA – Regional Database of Biodiversity. DNAqua-Net Kick-Off Conference, March 6-9, Essen, Germany. Digital Abstract Book, pp: 55.
31. Hanjalić, J., Dorić, S., Lasić, L., Ušanović, L., Šubara, J., Čučuković, A., Kalamujić Stroil, B. (2018) To BOLD or to be BOLDed: DNA Barcoding in Bosnia and Herzegovina. First

- International Conference „Nature in Southern and Eastern Diversity, State and Governance“, Sarajevo, BiH, Book of abstracts, pp 46.
32. Kalamujić Stroil, B., Dorić, S., Hanjalić, J., Lasić, L., Pojskić, N. (2018) REBIDA Database as a tool in the implementation of National Biodiversity Strategy and Action plan in Bosnia and Herzegovina. First International Conference „Nature in Southern and Eastern Diversity, State and Governance“, Sarajevo, BiH, Book of abstracts, pp 47.
 33. Hanjalić, J., Čučuković, A., Dorić, S., Lasić, L., Šubara, J., Kalamujić Stroil, B. (2018) Morphometric and DNA barcoding assessment of macrozoobenthos community structure as indicator of water quality in Natural Monument „Skakavac“. 3rd Central European Symposium for Aquatic Macroinvertebrate Research, Łódź, Poland, July 08-13, Book of Abstracts pp: 113.
 34. Durmić-Pašić, A., Haverić, A., Kalamujić Stroil, B., Čakar, J., Bajrović, K., Pojskić, L., Pojskić, N., Haverić, S., Hadžiselimović, R. (2019) A short history of genetics in Bosnia and Herzegovina. 1st Congress of Geneticists in Bosnia and Herzegovina with International Participation, Sarajevo, BiH, *Genetics&Applications*, 3(2): 2.
 35. Hasanbegović, J., Hadžiabulić, S., Gaši, F., Skender, A., Grahić, J., Kalamujić Stroil, B., Lasić, L., Ušanović, L., Kurtović, M. (2019) Genetic characterisation of almond (*Prunus amygdalus* L.) using microsatellite markers. 1st Congress of Geneticists in Bosnia and Herzegovina with International Participation, Sarajevo, BiH, *Genetics&Applications*, 3(2): 95.
 36. Lasić, L., Ušanović, L., Hanjalić, J., Čakić, S., Kalamujić Stroil, B. (2019) Optimization of nested polymerase chain reaction conditions for molecular-genetic detection of *Borrelia burgdorferi* sensu lato in *Ixodes ricinus* ticks. 1st Congress of Geneticists in Bosnia and Herzegovina with International Participation, Sarajevo, BiH, *Genetics&Applications*, 3(2): 65.
 37. Hanjalić, J., Lasić, L., Ušanović, L., Dorić, S., Pojskić, N., Lelo, S., Kalamujić Stroil, B. (2019) DNA barcoding of four butterfly species of genus *Argynnis* Fabricius, 1807 (Nymphalidae: Heliconiinae) from Bosnia and Herzegovina. 1st Congress of Geneticists in Bosnia and Herzegovina with International Participation, Sarajevo, BiH, *Genetics&Applications*, 3(2): 64.
 38. Rukavina, D., Kalamujić Stroil, B., Durmić-Pašić, A., Mačkić-Đurović, M., Pojskić, N. (2019) The genetic structure of potential Bosnian mountain horses based on microsatellite markers. 1st Congress of Geneticists in Bosnia and Herzegovina with International Participation, Sarajevo, BiH, *Genetics&Applications*, 3(2): 63.
 39. Halilović, E., Ahmić, A., Čakar, J., Pilav, A., Džehverović, M., Lasić, L., Kalamujić Stroil, B., Pojskić, N. (2019) Y-chromosome haplogroup diversity of the Roma population of north-eastern Bosnia and Herzegovina. 1st Congress of Geneticists in Bosnia and Herzegovina with International Participation, Sarajevo, BiH, *Genetics&Applications*, 3(2): 49.

40. Lasić, L., Hanjalić, J., Ušanović, L., Kalamujić Stroil, B., Pojskić N (2019) Investigating the apoptotic effects of stenoendemic *Acinos orontius* plant extracts in human peripheral blood lymphocytes in vitro. 6th Congress of Serbian Genetic Society, Vrnjačka Banja, Serbia.
41. Kalajdžić, A., Kalamujić Stroil, B., Konjicija, S., Pojskić, N. (2019) Forward-in-time method vs. Artificial neural networking as a tool for simulation of genetic data. 6th Congress of the Serbian Genetic Society, Vrnjačka Banja, Srbija.
42. Kalamujić Stroil, B., Hanjalić, J., Kalajdžić, A., Lasić, L., Vesnić, A. (2019) Unveiling the rich Trichoptera diversity in Bosnia and Herzegovina – the case of *Rhyacophila bosnica*. The 8th International Barcode of Life Conference – iBOL2019, Trondheim, Norway, Genome, 62: pp 390.
43. Zimić A., Vrhovac, B., Šunje, E., Ćurić, A., Kalamujić Stroil, B. (2020) Molecular identification of green frogs (Anura: Ranidae: Pelophylax) of western Balkans (Bosnia and Herzegovina and Montenegro). IV simpozijum biologa i ekologa Republike Srpske sa međunarodnim učešćem - SBERS2020, Univerzitet u Banja Luci 12-14.11.2020.
44. Vernesi, C., Bruford, M.W., Buzan, E., Heuertz, M., Kalamujic Stroil, B., Lopes-Fernandes, M., Mattedi, A., Mergeay, J., Segelbacher, G., Sjogren-Gulve, P., Velickovic, N. (2020) G-BiKE (Genomic Biodiversity Knowledge for resilient Ecosystems) network: rationale and activities. GEO BON Open Science Conference & All Hands Meeting, 06–10 July 2020, online, Book of Abstracts: 118.
45. Nikitović, J., Kalamujić Stroil, B., Pračić, N. (2020) Odnos kutova zglobova kod populacije baraka u Bosni i Hercegovini, 15. međunarodni i 55. hrvatski simpozij agronoma, Vodice, Hrvatska.
46. Ušanović, L., Lasić, L., Hanjalić, J., Kalamujić Stroil, B. (2020) Species composition of ticks removed from dogs in the municipality of Vitez (Bosnia and Herzegovina). XIII naučno-stručni skup Studenti u susret nauci (Students encountering science), Univerzitet u Banja Luci 26-28.11.2020. (usmeno izlaganje)

2.4 Objavljene knjige

2.4.1 Objavljene knjige prije izbora u zvanje docenta:

1. Kalamujić B., Pojskić N. (2014) *Poglavlje: Bioinformatika*. U: Lejla Pojskić (ed.) „Uvod u genetičko inženjerstvo i biotehnologiju“, INGEB, Sarajevo. ISBN 978-9958-9344-8-3

2.4.2 Objavljene knjige nakon izbora u zvanje docenta:

1. Kalamujić Stroil B., Dorić S., Lukić Bilela L., Pojskić N. (2018) Aplikativna bioinformatika-Praktikum, INGEB, Sarajevo. ISBN 978-9958-083-00-6
2. Lukić Bilela L., Kalamujić Stroil B., Islamagić E. (2018) Molekularna biologija-Praktikum sa zbirkom zadataka, PMF UNSA, Sarajevo, ISBN 978-9926-453-09-1

2.5 Stručni angažmani u publicistici:

1. Prevoditeljica 11. poglavlja u knjizi „Analiza DNA u sudskoj medicini i pravosuđu“, Primorac i saradnici. Medicinska naklada, Zagreb, Hrvatska, 2008
2. Lektor i korektor knjige „Forenzična genetika - teorija i aplikacija“, Marjanović, Primorac i suradnici. Naučna i stručna knjiga „Lelo“ d.o.o., Sarajevo, BiH, 2013
3. Prevoditeljica 14. poglavlja u knjizi „Forenzična analiza DNA“, Primorac i Schanfield. Školska knjiga, Zagreb, Hrvatska, 2016

2.6 Učešće u uredničkim odborima časopisa:

1. Članica uredničkog odbora naučnog časopisa „Genetics & Applications“, zvaničnog naučnog glasila Instituta za genetičko inženjerstvo i biotehnologiju Univerziteta u Sarajevu

3 NASTAVNO-PEDAGOŠKA AKTIVNOST

Doc. dr. Belma Kalamujić Stroil posjeduje 18 godina iskustva u nastavi na Prirodno-matematičkom fakultetu Univerziteta u Sarajevu, te je tokom navedenog perioda realizirala:

3.1 Predmeti koje je kandidatkinja realizirala prije izbora u zvanje docenta na I ciklusu studija Prirodno-matematičkog fakulteta:

- Genetika (2006/2007),
- Evolucija (2007/2008),
- Molekularna biologija (2009-2016),
- Regulatorni mehanizmi životinja (2010-2013) i
- Bioinformatika (2010-2015).

3.2 Predmeti koje je kandidatkinja realizirala nakon izbora u zvanje docenta na I ciklusu studija Prirodno-matematičkog fakulteta:

- Molekularna biologija (2015-2019) i
- Bioinformatika (2015-trenutno).

3.3 Predmeti koje je kandidatkinja realizirala nakon izbora u zvanje docenta na Internationalnom Burch Univerzitetu:

- Cell biology,
- Genetics, Molecular biology I
- Molecular biology II

3.4 Mentorstva nakon izbora u zvanje docenta:

Od posljednjeg izbora (1.09.2015.) kandidatkinja je bila mentorica četiri završna rada na drugom (II) ciklusu studija na Odsjeku za biologiju Prirodno-matematičkog fakulteta Univerziteta u Sarajevu:

1. “Molekularna i morfološka diferencijacija vrsta podroda *Lasius* Fabricius, 1805 u Bosni i Hercegovini (Hymenoptera: Formicidae)” kandidatkinje Lejle Čatović,
2. „Molekularno-genetička karakterizacija vrste *Ichthyosaura alpestris*, (Laurenti, 1768) s odabраних lokaliteta u Bosni i Hercegovini“ kandidatkinje Ajle Podrug,
3. „Molekularno-genetički pokazatelji introgresije atlantskog haplotipa potočne pastrmke u vodotocima savskog sliva“ kandidatkinje Azre Karamović,
4. „Učestalost At haplotipa u uzgojnim populacijama potočne pastrmke rijeke Neretve“ kandidata Ademir Torlaka.

Također bila je predsjednica jedne komisije za ocjenu i odbranu završnog rada drugog (II) ciklusa: „Primjena vještačke neuronske mreže u validaciji rezultata standardnih i predikcijskih populacijsko-genomskih analiza“ kandidata Abdurahima Kalajdžića.

3.5 Osvrt Komisije na nastavno-pedagoški rad kandidatkinje:

Treba naglasiti da predmeti koje je dr. Belma Kalamujić Stroil sa velikim entuzijazmom i odgovornošću realizirala, prije i nakon izbora u zvanje docenta, obuhvataju primarno predmete koji predstavljaju osnovu spoznanja iz oblasti Molekularne biologije (Molekularna biologija i Bioinformatika) i koje su ujedno i temelji ove značajne biološke oblasti. Za realizaciju ovih predmeta osim teoretskog i praktičnog segmenta osnov predstavlja i rad sa studentima u Laboratoriju. Ovaj segment rada od nastavnika zahtijeva posebne sposobnosti i vještine kojima dr. Kalamujić Stroil, uz prethodno navedene kompetencije, raspolaže i na najbolji način ih koristi u prenošenju znanja svojim studentima. Kompletan odnos prema nastavi te njen talent za ovaj rad nameće zaključak da pripada skupini onih mladih predavača koji vrlo odgovorno i s puno ljubavi obavljaju sve segmente nastavno-pedagoškog rada.

PRIJEDLOG SA OBRAZLOŽENJEM

Na osnovu analize ukupnih raspoloživih podataka u priloženoj dokumentaciji predviđenoj Konkursom, koju je dostavila dr. *Belma Kalamujić Stroil*, docent Prirodno-matematičkog fakulteta u Sarajevu, kao jedini kandidat za izbor u zvanje vanrednog profesora za oblat *Molekularna biologija* na Prirodno-matematičkom fakultetu Sarajevu, Komisija konstatuje da je kandidatkinja:

- provela **jedan izborni period** u zvanju docenta,
- nakon izbora u prethodno zvanje objavila **31 originalni naučni rad** iz oblasti za koju se bira u priznatim publikacijama koje se nalaze u relevantnim međunarodnim bazama podataka: **11 originalnih naučnih radova referiranim u citatnoj bazi podataka (Web of Science) te 19**

originalnih naučnih radova referiranih u bazama podataka (SCOPUS /16/, Index Copernicus /1/, EBSCO /16/, CAB Direkt /2/) i jedan sa međunarodnom recenzijom (Zakonom propisano - najmanje 5),

- nakon izbora u prethodno zvanje, učestvovala na domaćim/međunarodnim **skupovima** na kojima je u svojstvu autora/koautora predstavila **25 radova** čiji su sažeci objavljeni u zbornicima radova te je učestvovala u organizaciji tri međunarodna skupa,
- nakon izbora u prethodno zvanje, kao **koautor**, je objavila **dvije knjige** (Zakonom propisano - najmanje 1),
- **mentor** je **četiri** uspješno odbranjena **rada na (II) ciklusu** studija na Odsjeku za biologiju Prirodno-matematičkog fakulteta Univerziteta u Sarajevu,
- od izbora u prethodno zvanje, realizirala je u svojstvu voditelja (8)/istraživača (8) **16 naučnoistraživačkih projekata**, uključujući **3 COST akcije** (Zakonom propisano - najmanje 1),
- članica je uredničkog odbora naučnog časopisa „Genetics & Applications“.

Imajući u vidu prezentirane činjenice Komisija smatra da kandidatkinja **dr. Belma Kalamujić Stroil, docent** ispunjava sve uvjete za izbor u zvanje **vanrednog profesora** na oblasti **Molekularna biologija na Odsjeku za biologiju Prirodno-matematičkog fakulteta Sarajevo** koji su definirani članom 96. stav e) Zakona o visokom obrazovanju Kantona Sarajevo (Službene novine Kantona Sarajevo, broj 33/17) te članom 194. stav e) Statuta Univerziteta u Sarajevu (01-1093-3-1/18 od 28. 11. 2018. godine) o uvjetima izbora i sticanja naučnih zvanja.

Na temelju svega izloženog, Komisija sa zadovoljstvom predlaže Vijeću *Prirodno-matematičkog fakulteta* da Senatu Univerziteta u Sarajevu predloži izbor

DR. BELME KALAMUJIĆ STROIL

za nastavnika u zvanje VANREDNI PROFESOR za oblast MOLEKULARNA BIOLOGIJA na Odsjeku za biologiju Prirodno-matematičkog fakulteta Univerziteta u Sarajevu te da u vezi s tim nastavi zakonom predviđenu proceduru do okončanja postupka.

Komisija

Prof. dr. Edina Muratović

Prof dr. Lada Lukić Bilela

Sarajevo, mart 2021. godine.

Prof. dr. Adaleta Durmić-Pašić