

Изборном већу
Математичког факултета
Универзитета у Београду

На 114. седници Изборног већа Математичког факултета Универзитета у Београду одржаној 26.01.2024. одређени смо за чланове комисије за писање извештаја о кандидатима пријављеним на конкурс за избор једног ванредног професора за ужу научну област Рачунарство и информатика. На конкурс који је објављен 07.02.2024. године у издању листа *Послови Националне службе за запошљавање*, у предвиђеном року пријавио се један кандидат: др Јована Ковачевић. Комисија је разматрала пријаву кандидата пријављеног на конкурс, и након разматрања приложеног материјала подносимо следећи извештај као и завршни предлог.

Извештај

о пријављеном учеснику на конкурс за избор једног наставника у звање ванредног професора за ужу научну област Рачунарство и информатика

1 др Јована Ковачевић

1.1 Биографија

Јована Ковачевић рођена је 06.05.1983. године у Београду, где ја завршила основну школу и гимназију. Студије на Математичком факултету у Београду, на смеру Рачунарство и информатика уписала је 2001. године и завршила је 2007. године са просеком оцена 8.68. Докторске студије студијског програма Информатика је уписала 2007. године на Математичком факултету Универзитета у Београду. Положила је све испите са просечном оценом 10. Докторирала је 2015. године у области рачунарских наука на Математичком факултету Универзитета у Београду, одбравивши докторску дисертацију под насловом *Структурна предикција функције протеина и однос функционалних категорија и неуређености* под менторством проф. др Гордане Павловић-Лажетић.

Запослена је на Катедри за рачунарство и информатику Математичког факултета Универзитета у Београду у звању сарадника у настави (од октобра 2007. године), асистента (од 2009. године) и доцента (од 2016. године). Током школске 2018/2019. године била је координатор за односе са привредом Математичког факултета.

1.2 Наставна делатност

Јована Ковачевић је успешно држала предавања и вежбе из следећих предмета: Програмирање1, Програмирање2, Биоинформатика, Увод у организацију и архитектуру рачунара 1, Увод у организацију и архитектуру рачунара 2, Информатика за биохемичаре (Хемијски факултет), Увод у биоинформатику (мастер програм Индустрија 4.0), Машинско учење, Архитектура и

оперативни системи, Примена рачунара у биологији, Програмске парадигме, Функционално програмирање. Петогодишњи просек оцена на студентским анкетама је 4.51.

Јована Ковачевић је коаутор једне збирке задатака и две скрипте у електронском облику за курсеве студија рачунарства и информатике и информатике за биохемичаре:

- Milena Vujošević Janičić, Jovana Kovačević, Danijela Simić, Anđelka Zečević, Aleksandra Kocić
Programiranje 1 - Zbirka zadataka sa rešenjima
Izdavač: Matematički fakultet, Beograd 2019.
ISBN: 978-86-7589-139-0, URL: <https://www.programiranje1.matf.bg.ac.rs/zbirka/>
- Jovana Kovačević,
Uvod u bioinformatiku (skripta)
<http://https://www.bioinformatika.matf.bg.ac.rs/>
- Jovana Kovačević,
Informatika za biohemicare (skripta)
<http://https://www.biohemicari.matf.bg.ac.rs/>

1.3 Научна делатност

Области научног интересовања Јоване Ковачевић су биоинформатика, истраживање података и текста. До сада је објавила шест радова на SCI листи, два рада у међународним часописима и два рада у националним часописима. Имала је више саопштења на међународним конференцијама. Укупан број цитата према сервису Scopus је 65, а h-индекс је 4.

Јована Ковачевић је учествовала у пројектима 144030 и 174021 Министарства просвете, науке и технолошког развоја и на међународном пројекту CA21160 *Non-globular proteins in the era of Machine Learning*, као руководилац радне групе *Assessment of state-of-the-art ML predictors and methods in the NGP field*. До сада је руководила изработом 19 мастер радова, и била члан комисије за оцену и одбрану три докторске дисертације и 24 мастер радова.

Била је учесник 13 радионица и летњих школа. Била је члан програмског одбора научног скупа *1st ML4NGP Meeting On Machine Learning And Non-Globular Proteins, 5-7.7.2023.* и организационог одбора *Beogradske Bioinformatičke Konferencije (BelBi) 2012, 2016, 2018, 2021, 2023.* Један је од добитника награде Задужбине Ђоке Влајковића за најбољи научни рад младих научних радника Универзитета у Београду за 2021. годину. Члан је Председништва Српског друштва за биоинформатику и рачунарску биологију (БирБи) од 2018. године, и један од руководилаца семинара за Биоинформатику Математичког факултета од 2023. године.

1.3.1 Радови у међународним часописима са SCI листе

Након првог избора у звање доцента:

1. Jelena Graovac, Jovana Kovačević, G. Pavlović-Lažetić: Hierarchical vs. Flat n-gram-based text categorization: Can we do better? *Computer Science and Information Systems*, Vol. 14, No. 1, 103–121, 2017. (IF(2017)=0.613 (M23) in Computer Science, Information Systems)
2. Nenad Mitić, Saša Malkov, Jovana Kovačević, Gordana Pavlović-Lažetić, Miloš Beljanski: Structural disorder of plasmid-encoded proteins in Archaea and Bacteria and Archaea, *BMC Bioinformatics*, 19.1 (2018): 158 (IF(2018)=2.511 (M21) in Mathematical & Computational Biology)
3. Banković, M., Filipović, V., Graovac, J., Hadži-Purić, J., Hurson, A. R., Kartelj, A., Kovačević, J., Korolija, N., Kotlar, M., Krdžavac, N. B., Marić, F., Malkov, S., Milutinović, V., Mitić, N., Mišković, S., Nikolić, M., Pavlović-Lažetić, G., Simić, D., Stojanović-Đurđević, S., Vujičić-Stanković, S., Vujošević-Janičić, M., Živković, M.: Teaching graduate students how to review research articles and respond to reviewer comments, *Advances in Computers*, 2019, (IF(2022)=1.833 (M22) in Computer Science, Software Engineering)
4. Goran Vinterhalter, Jovana Kovačević, Gordana Pavlović-Lažetić, Vladimir Uversky: Bioinformatics analysis of correlation between protein function and intrinsic disorder, *International Journal of Biological Macromolecules*, Vol. 167, 15 January 2021, 446-456 (IF(2021)=8.025 (M21) in Biochemistry & Molecular Biology)
5. Lazar Vasović, Gordana Pavlović-Lažetić, Jovana Kovačević, Miloš Beljanski, Vladimir Uversky: Intrinsically disordered proteins and liquid-liquid phase separation in SARS-CoV-2 interactomes, *Journal of Cellular Biochemistry, section Intrinsic protein disorder in host-virus interaction*, doi: 10.1002/jcb.30502, 2023, Online ahead of print. (IF(2022)=4.0 (M22) in Biochemistry & Molecular Biology)

Пре првог избора у звање доцента:

6. Gordana Pavlović-Lažetić, Nenad Mitić, Jovana Kovačević, Zoran Obradović, Saša Malkov, Miloš Beljanski: Bioinformatics analysis of disordered proteins in prokaryotes, *BMC Bioinformatics*, 12:66, 2011. (IF(2011)=2.751 (M21) in Mathematical & Computational Biology)

1.3.2 Радови у научним часописима који нису на SCI листи

1. J. Kovačević, J. Graovac: Prospective automated hierarchical classification of digitized documents, *Review of the National Center for Digitization*, vol. 29, pp. 42–51, 2016. (M53)
2. J. Kovačević, J. Graovac: Application of a Structural Support Vector Machine method to N-gram based text classification in Serbian, *INFOtheca - Journal of Information and Library Science*, vol. 16, no. 1, 2015. (M53)
3. J. Graovac, J. Kovačević, G. Pavlović-Lažetić: Language Independent n-Gram-Based Text Categorization with Weighting Factors: A Case Study, *JIDM - Journal of Information and Data Management*, vol. 6, no. 1, pp 4–17, 2015. (M51)
4. Jovana Kovačević: Computational Analysis of Position-dependent Disorder Content in DisProt Database, *Genomics, Proteomics, Bioinformatics*, Elsevier, volume 10, number 3, pages 158-165, 2012. (M53)

1.3.3 Саопштења на међународним и националним скуповима

После првог избора у звање доцента:

1. 9/2023 - Jovana Kovačević, Tandem repeat proteins from ML perspective, *Workshop On Computational Methods For Tandem Repeat Proteins- ML4NGP Second Workshop*, Montpellier, France (M34)
2. 6/2023 - Anđelka Zečević, Jovana Kovačević, and Radoslav Davidović, Mapping of Disease Names to Disease Codes based on Natural Language Processing Techniques, *Belgrade Bioinformatics Conference (BelBi 2023)*. Belgrade, Serbia (M34)
3. 6/2023 – Nevena Ćirić and Jovana Kovačević, Methodology, performance and retrainability survey of intrinsic disorder predictors, *Belgrade Bioinformatics Conference (BelBi 2023)*. Belgrade, Serbia (M34)
4. 6/2023 - Bojana Jošić, Jovana Kovačević, Vladimir Perović and Nevena Veljković, Integrated relational database of human protein-protein interactions, *Belgrade Bioinformatics Conference (BelBi 2023)*. Belgrade, Serbia (M34)
5. 6/2023 - Drenka Trivanović, Jovana Kovačević, Aleksandra Arsić, Marko Vujačić, Nikola Bogosavljević, Ivana Okić Djordjević, Milena Živanović, Slavko Mojsilović, Mirjana Maljković, and Aleksandra Jauković, Fatty Acid Data Analysis Unravels Skeletal Site and Age-Specific Features of Human Bone Marrow Adiposity, *Belgrade Bioinformatics Conference (BelBi 2023)*. Belgrade, Serbia (M34)
6. 6/2021 - Nevena Ćirić, Mladen Nikolić, Jovana Kovačević, Applications of neural network models in predicting enzyme function based on the EC nomenclature, *Belgrade Bioinformatics Conference (BelBi 2021)*. Belgrade, Serbia (M34)
7. 7/2020 - Stefan Spalević, Petar Veličković, Jovana Kovačević, Mladen Nikolić, Hierarchical Protein Function Prediction with Tail-GNNs, *International Conference on Machine Learning (ICML 2020), Workshop on Graph Representation Learning and Beyond*, Vienna, Austria (M33)
8. 7/2019 - Minja Zorc, Jovana Kovačević, Mladen Nikolić, Nevena Veljković, Peter Dovč, Cross-species cell type annotation of single cell RNA-Seq data, *Intelligent Systems for Molecular Biology/European Conference on Computational Biology (ISMB/ECCB 2019)*. Basel, Switzerland (M34)
9. 7/2018 - Saša Malkov, Nenad Mitić, Gordana Pavlović-Lažetić, Jovana Kovačević, Miloš Beljanski, Mirjana Pavlović: Correlation of intrinsically disordered protein regions content with environmental characteristics in Archaea and Bacteria, *Belgrade Bioinformatics Conference (BelBi 2018)*. Beograd, Srbija (M34)
10. 7/2017 – Jovana Kovačević, Predrag Radivojac: A structured-output method for protein function prediction. *Intelligent Systems for Molecular Biology/European Conference on Computational Biology (ISMB/ECCB 2017)*. Prag, Češka (M34)

Пре првог избора у звање доцента:

1. 6/2016 - Jelena Graovac, Jovana Kovačević, G. Pavlović-Lažetić: Machine learning-based approach to help diagnosing Alzheimer's disease through spontaneous speech analysis. *Beogradska bioinformatička konferencija (BelBi 2016)*. Beograd, Srbija (M34)
2. 4/2016 – Jovana Kovačević, Predrag Radivojac: Using structured output learning in automated protein function annotation. *The Ninth International Biocuration Conference*. Ženeva, Švajcarska (M34)
3. 6/2015 - Jovana Kovačević, Gordana Pavlović-Lažetić: Predictive models based on support vector machines for structured outputs. *Mathematical Data Science*, Beograd, Srbija (M62)
4. 09/2013 - Jovana Kovačević, Predrag Radivojac, Gordana Pavlović-Lažetić: On protein function prediction methods, *Theoretical Approaches to Bioinformation Systems*, Beograd, Srbija (M64)
5. 6/2012 - Jovana Kovačević: Bioinformatics study of protein disorder content with respect to its position and protein function, *Data mining in bioinformatics*, Beograd, Srbija (M34)

1.4 Приказ научних радова објављених у часописима на SCI листи

У раду [1] предложене су две методе за хијерархијску класификацију текста засноване на машинском учењу и n-грамима бајтова. Методе су примењене на најпопуларнијим јавно доступним скуповима текстова на енглеском и кинеском језику. Циљ је био упоредити добијене резултате са резултатима уобичајене, тзв. равне класификације над истим скуповима. Формалном евалуацијом добијених резултата утврђено је да хијерархијска класификација не доноси велико побољшање резултата у односу на равну класификацију, када се обе примене над истим скуповима података.

У раду [2] је представљена анализа неуређености протеина бактерија и археја чији се генски записи налазе у плазмидима. Анализирано је више од 8.400.000 протеина из више од 2600 различитих протеома. Коришћена су три предиктора неуређености протеина и три различите мере неуређености. Између осталог, откривено је да за сва три предиктора и све три мере (1) бактерије имају значајно виши ниво неуређености протеина него археје; (2) протеини енкодирани на плазмидима имају више неуређених региона него протеини енкодирани на хромозомима, како код бактерија тако и код археја; (3) плазмидски протеини су значајно неуређенији од хромозомских протеина само у групи протеина који немају SOG-класификацију; (4) у поређењу са осталим протеинима, анти-токсински протеини су најнеуређенији (скоро двоструко) и код бактерија и код археја; (5) плазмидски протеини су неуређенији од хромозомских протеина код бактеријских антитоксина и токсински неклассификованих протеина, али имају исти ниво неуређености као хромозомски протеини у групи токсинских протеина.

У раду [3] разматрају се методолошка питања везана за процес припреме и објављивања радова у области рачунарства и информатике. Рад нарочито разматра питања везана за писање рецензија, као и писање пропратних писама са одговорима на примедбе рецензената. Стицање ових важних вештина је од изузетног значаја за студенте докторских студија који праве своје прве кораке у свету науке, а циљ овог рада је да им целокупан формални процес објављивања научних радова приближи и омогући им да своја истраживања усмере тако да буду објављива. Рад такође разматра специфичности великог броја различитих

области рачунарства када је у питању методологија истраживања. Разматрају се актуелни правци истраживања као и специфични захтеви који се постављају пред истраживача како би резултати истраживања били релевантни за научну заједницу и, самим тим, објављиви.

Рад [4] се бави корелацијом између функције протеина и њихове неуређености која представља важан аспект у разумевању односа између протеинске секвенце, функције и структуре. У овом истраживању испитивано је да ли закључци добијени у ранијим истраживањима важе на новом, већем скупу протеина са богатијом функционалном анотацијом. Да би овакво испитивање било спроведено, било је неопходно да се успостави мапирање између два система функционалних анотација протеина. Добијени резултати су потврдили откривене везе између функције протеина и неуређености на већем скупу протеина и уз то открили нове корелације између неких функција протеина и њихове уређености и неуређености.

У раду [5] се разматрају карактеристике протеина и њихове релације у интерактомима одабраних подскупова протеома SARS-CoV-2 – мембранског протеина, неструктурних протеина и целог протеома. Као карактеристике од значаја издвојени су неуређеност протеина према неколико мера, вероватноће раздвајања фаза течност-течност (eng. liquid-liquid phase separation, скраћено LLPS) и степен протеинских чворова у мрежама интеракција. Поред тога, вирусни интерактоми су комбиновани са интерактомом људског плућног ткива како би се испитало да ли су нове везе у резултујућем интерактому вирус-домаћин повезане са неуређеношћу протеина. Корелациона анализа показује да не постоји јасна веза између карактеристика од значаја, док постоји позитивна корелација између неуређености протеина и средње вредности неуређености протеина у њиховом окружењу. Такође постоје индикације да су високо повезана вирусна чворишта у просеку уређенија од протеина са малим бројем веза. Ово је у супротности са претходним сличним студијама спроведеним на еукариотским интерактомима и отвара нова питања у истраживању вирусних интерактома.

У раду [6] извршена је исцрпна анализа предиктивно утврђене неуређености протеина из прокариотских организама (бактерија и археја) у односу на функционалне категорије којој припадају као и у односу на различите геномичке, метаболичке и еколошке карактеристике организама из којих потичу. Оваква анализа приближава еволутивни процес организама и може бити од користи за одређивање таксономских категорија.

1.5 Приказ научних радова објављених у часописима који нису на SCI листи

У раду [1] је представљена метода хијерархијске класификације докумената НЦД (eng. National Center for Digitization) дигиталне библиотеке заснована на методи структуралних подржавајућих вектора. Приказана је развијена метода, предложена су два типа хијерархија класа НЦД библиотеке на основу њиховог садржаја и дефинисан је протокол за примену ове методе на дигитализоване документе.

У раду [2] су приказани резултати класификације хијерархијски организованог EBART корпуса на српском језику. Коришћене су две технике засноване на методи структуралних подржавајућих вектора: вишекласна равна и хијерархијска класификација. Резултати су показали да хијерархијска класификација даје боље резултате за специфичне класе са малим бројем текстова, док су добијени слични резултати када су методе примењене на цео корпус.

У раду [3] је представљена језички независна техника класификације текстова заснована на профилима n -грама бајтова са придруженим тежинским факторима и поређењу ових профила. Техника је примењена на 2 веома различита, широко распрострањена светска језика: енглеском и арапском, чиме је демонстрирана језичка независност методе. Резултати који су постигнути за јавно доступне корпусе су показали да је ова техника надмашила све доступне резултате на арапском језику и постигла резултате упоредиве са најбољим резултатима на енглеском језику.

У раду [4] анализира се веза експериментално утврђене неуређености протеина из базе DisProt са позицијом неуређених резидуала у протеинском ланцу као и учесталост појављивања аминокиселина са одређеним физичко-хемијским карактеристикама у неуређеним регионима протеина. На основу ове анализе предложена је нова скала аминокиселина према садржају неуређености. Добијени резултати су корисни за конструкцију нових и побољшање постојећих предиктора неуређености протеина.

2 Закључно мишљење и предлог комисије

Кандидат др Јована Ковачевић завршила је основне студије на Математичком факултету на смеру Рачунарство и информатика са просечном оценом 8.68. Докторат из области рачунарства је одбранила 2015. године на истом факултету са докторском дисертацијом *Структурна предикција функције протеина и однос функционалних категорија и неуређености*. Јована Ковачевић је у радном односу на Математичком факултету од 2007. године и држала је вежбе и предавања из великог броја предмета на основним и мастер студијама. Петогодишњи просек оцена на студентским анкетама др Јоване Ковачевић је 4.51 (од 5). Руководила је израдом руководиоца израдом 19 мастер радова, и била члан комисије за оцену и одбрану три докторске дисертације и 24 мастер радова. Коаутор је 1 збирке задатака и две скрипте у електронском облику за курсеве студија рачунарства и информатике и информатике за хемичаре. Укупно је објавила 6 научних радова у часописима на SCI листи (5 радова у периоду од првог избора за доцента). Имала већи број излагања на међународним и националним научним скуповима (од првог избора за доцента излагала је 10 пута на међународним скуповима). Др Јована Ковачевић је учествовала на више националних и међународних научних пројеката.

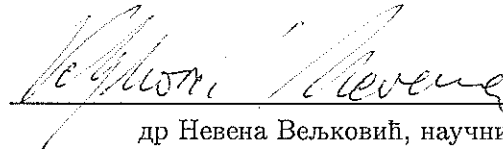
На основу свега изложеног, комисија сматра да кандидат др Јована Ковачевић испуњава све формалне и суштинске услове конкурса и **предлаже Изборном већу Математичког факултета у Београду да др Јовану Ковачевић изабере у звање ванредног професора за ужу научну област Рачунарство и информатика.**

У Београду,
27.03.2024. године

ПОТПИСИ ЧЛАНОВА КОМИСИЈЕ

др Ненад Митић, редовни проф.

др Саша Малков, ванредни проф.



др Невена Вељковић, научни саветник Института
за нуклеарне науке Винча