

НАСТАВНО-НАУЧНОМ ВЕЋУ БИОЛОШКОГ ФАКУЛТЕТА УНИВЕРЗИТЕТА У БЕОГРАДУ

На VII редовној седници Наставно-научног већа Универзитета у Београду-Биолошког факултета, одржаној 11.05.2018. године, прихваћен је извештај ментора др Наташе Ковачевић Грујичић и академика др Милене Стевановић о урађеној докторској дисертацији **Слободана Б. Давидовића**, Универзитет у Београду - Институт за молекуларну генетику и генетичко инжењерство, под насловом „**Анализа варијабилности митохондријске ДНК становника Републике Србије са популационо генетичког, филогенетског и филогеографског аспекта**“, и одређена је Комисија за преглед и оцену докторске дисертације у саставу др Наташа Ковачевић Грујичић, виши научни сарадник, Универзитет у Београду - Институт за молекуларну генетику и генетичко инжењерство, академик др Милена Стевановић, научни саветник, Универзитет у Београду - Институт за молекуларну генетику и генетичко инжењерство, редовни професор, Универзитет у Београду- Биолошки факултет, др Биљана Стојковић, ванредни професор, Универзитет у Београду- Биолошки факултет, др Јелена Алексић, виши научни сарадник, Универзитет у Београду - Институт за молекуларну генетику и генетичко инжењерство.

Комисија је прегледала урађену докторску дисертацију кандидата и Већу подноси следећи

ИЗВЕШТАЈ

Општи подаци о докторској дисертацији:

Докторска дисертација Слободана Давидовића, под насловом „**Анализа варијабилности митохондријске ДНК становника Републике Србије са популационо генетичког, филогенетског и филогеографског аспекта**“, урађена је у Лабораторији за хуману молекуларну генетику Института за молекуларну генетику и генетичко инжењерство Универзитета у Београду.

Дисертација је написана на 346 страна, садржи 91 слику (7 у поглављу Увод, 1 у поглављу Материјал и методе, 41 у поглављу Резултати, 2 у поглављу Дискусија и 40 у поглављу Прилог) и 26 табела (6 у поглављу Материјал и методе, 8 у поглављу Резултати и 12 у поглављу Прилог). Докторска дисертација садржи: Насловну страну на српском и енглеском језику, Податке о менторима и члановима комисије, Резиме на српском и енглеском језику са кључним речима, Термине, Скраћенице, Садржај, Текст по поглављима и Прилог. Пагинирани текст дисертације садржи следећа поглавља: Увод (39 страна), Циљеви рада (2 стране), Материјал и методе (23 стране), Резултати (87 страна),

Дискусија (46 страна), Закључци (3 стране), Литература (16 страна) и Прилог (130 страна). У оквиру пагинираног дела Прилога налазе се табеле и слике, након чега су укључени и Биографија аутора, Изјава о ауторству, Изјава о истоветности штампане и електронске верзије докторске дисертације и Изјава о коришћењу. У докторској дисертацији је цитирано 297 извора литературе.

Анализа докторске дисертације:

Предмет докторске дисертације кандидата Слободана Давидовића је испитивање варијабилности митохондријске ДНК (мтДНК) у савременој популацији Србије са популационо генетичког, филогенетског и филогеографског аспекта и посебним освртом на генетичке, демографске и друге процесе који су довели до обликовања савременог митохондријског генског пула ове популације.

У поглављу **Увод**, који садржи 11 потпоглавља, кандидат је дао детаљан приказ савремених истраживања која се односе на проблематику докторске дисертације. У прва три потпоглавља описано је порекло и структура мтДНК, значај хиперваријабилних сегмената (HVS-I и HVS-II) контролног региона мтДНК као и варијабилности кодирајућег региона у примени овог унипаренталног генетичког маркера у популационо генетичким, филогенетским и филогеографским студијама. Такође је описана варијабилност митохондријског генома у људским популацијама. Теоријске поставке методе молекулског сата и његова примена у утврђивању временских оквира одвајања грана у филогенетским стаблима, дате су у четвртном потпоглављу. У потпоглављима 5-7 приказано је порекло врсте *Homo sapiens sapiens*, ширење људске врсте ван афричког континента и историја људских популација у Европи. Наведени су најзначајнији чиниоци у процесима успостављања садашње генетичке структуре европских популација. У осмом потпоглављу наведени су подаци о спектру и учесталости мтДНК хаплогрупа у европским популацијама, док је у деветом детаљно описана историја и доступни молекуларно генетички подаци о словенским популацијама. Десето потпоглавље представља опис историје људских популација на Балканском полуострву у коме се истиче значај Балканског полуострва у различитим периодима историје људске врсте. У последњем, једанаестом потпоглављу дат је преглед литературних података о варијабилности митохондријске ДНК становништва Републике Србије.

Поглавље **Циљеви** садржи јасно дефинисане циљеве овог истраживања. Наведено је да, иако је варијабилност мтДНК као унипаренталног молекуларног маркера у популацији Србије до сада испитивана у неколико студија, још увек не постоји задовољавајући опис митохондријског генског фонда популације Србије, односно није у потпуности познат спектар и учесталост мтДНК хаплотипова у овој јужнословенској популацији. Такође, нису детаљно обрађени односи ове популације са осталим јужнословенским, словенским и другим европским популацијама. Стога су током израде ове дисертације дефинисани следећи циљеви:

1. Утврђивање спектра и учесталости мтДНК (под)хаплогрупа у популацији Србије.
2. Анализа степена генетичке разноврсности мтДНК српске популације на основу варијабилности HVS-I и HVS-II региона мтДНК путем процене вредности следећих параметара: разноврсност хаплотипова, нуклеотидна разноврсност, број полиморфних места и средњи број разлика између парова хаплотипова.
3. Процена генетичке диференцијације (сличности и разлика) између српске и осталих европских популација на основу учесталости мтДНК (под)хаплогрупа (анализа главних компоненти) и варијабилности HVS-I и HVS-II региона

(међупопулационе генетичке дистанце и анализа молекуларне варијансе) у испитиваним популацијама.

4. Утврђивање генеолошких односа хаплотипова детектованих у популацији Србије путем конструисања хаплотип мрежа применом методе „повезивање медијана“ (енгл. median-joining method) и филогеографска анализа ретких хаплотипова уочених у популацији Србије.

5. Детектовање приватних хаплотипова у популацији Србије као и процентуалне заступљености мтДНК хаплотипова заједничких за српску и остале јужнословенске, словенске и друге европске популације.

6. Анализа еволуционих односа, старости и порекла потенцијално информативних и комплетно секвенцираних мтДНК линија у популацији Србије путем њихове филогенетске и филогеографске анализе заједно са комплетним митогеномима јединки из савремених, али и древних евроазијских популација доступних у базама података.

7. Утврђивање доприноса различитих миграција преко територије Балкана у успостављању садашњег обрасца варијабилности митохондријског генског пула популације Србије путем филогенетске и филогеографске анализе комплетно секвенцираних одабраних мтДНК детектованих у овој популацији.

У оквиру поглавља **Материјал и методе**, које обухвата пет потпоглавља, дате су све информације неопходне за репродуковање експерименталних процедура. Детаљно је описан начин на који је сакупљен репрезентативни узорак популације Србије, као и базе података које су формиране током израде ове тезе. Базе података садрже информације о учесталости мтДНК хаплогрупа у српској и осталим европским популацијама, детаљан опис хаплотипова, секвенце HVS-I и HVS-I/HVS-II региона и комплетне секвенце мтДНК одабраних хаплогрупа. Описане су методе изолације ДНК из ћелија букалне слузокоже и саливе, као и протоколи за PCR умножавање региона мтДНК од интереса. Представљене су методе одређивања примарног редоследа нуклеотида HVS-I и HVS-II региона, метода разлике у величини рестрикционих фрагмената за детекцију тачкастих полиморфизама у кодирајућем региону мтДНК (PCR-RFLP), као и процедура коришћена за секвенцирање целих митохондријских генома. У последњем потпоглављу дат је детаљан опис свих метода које су коришћене за обраду података приказаних у овом раду. Адекватно су наведени и сви биоинформатички пакети у које су интегрисане све наведене методе за обраду података. Описан је начин на који су подаци сакупљени из различитих публикација и униформисани коришћењем програма mtDNAmanager, HaploGrep2, HapLoSearch и FASTmtDNA. За даљу обраду података примењени су програми Arlequin, PAST3 и Network и утврђени су параметри генетичког диверзитета у испитиваним популацијама, али и њихова генетичка структура применом више метода (анализом главних компоненти, утврђивањем генетичких дистанци између парова популација, које су визуелизоване методом вишедимензионог скалирања и анализом молекуларне варијансе). Такође, обављена је филогеографска и филогенетска анализа, као и молекуларно датирање применом методе молекулског сата калибрисаног са 3 стопе мутација (програм mtPhyl).

У поглављу **Резултати**, организованом у четири потпоглавља, представљени су резултати ове докторске дисертације документовани табеларним приказима и сликама. У првом потпоглављу, које се односи на генетичку разноврсност испитиваних популација, приказани су спектар и учесталост мтДНК (под)хаплогрупа и параметри генетичке разноврсности српске популације добијени на основу анализа HVS-I и HVS-I/HVS-II региона. Друго потпоглавље обухвата описе генетичке структуре испитиваних

популација. Анализа главних компоненти и анализа молекуларне варијансе показале су да је српска популација хетерогена и да заузима интермедијарни положај унутар групе јужнословенских популација. Такође је утврђено да се популације групишу у складу са њиховом географском дистрибуцијом, али и према припадности сродним језичким породицама. На основу генетичких дистанци између парова испитиваних популација и визуализацијом дистанци, израчунатих коришћењем секвенци HVS-I и HVS-I/HVS-II региона, утврђено је да не постоје статистички значајне разлике између српске и осталих јужнословенских популација. У трећем потпоглављу приказани су генеолошки односи хаплотипова детектованих у српској популацији и филогеографска анализа ретких хаплотипова. Установљено је да су у српској популацији, поред подхаплогрупа уобичајених за европске популације, присутни у малом проценту и хаплотипови који припадају ретким подхаплогрупама. Утврђене су вредности параметара генетичке разноврсности ових подхаплогрупа у различитим географским регионима са циљем одређивања места њиховог порекла; високе вредности параметара генетичке разноврсности неких ретких мтДНК подхаплогрупа, попут HV2 и X2b, детектоване су на Балканском полуострву, што указује на вероватно место њиховог порекла. Затим је утврђена процентуална заступљеност хаплотипова заједничких за српску и друге европске популације и издојени су приватни хаплотипови, тј. хаплотипови присутни само у српској популацији. Показано је да највећи проценат HVS-I и HVS-I/HVS-II хаплотипова српска популација дели са популацијама јужне Европе и то првенствено са географски блиским популацијама Балканског полуострва из јужнословенске групе. Поред тога, у српској популацији је уочен и значајан проценат приватних хаплотипова. У четвртом потпоглављу представљени су резултати филогенетских и филогеографских анализа комплетних митогенома, процене старости потенцијално информативних мтДНК подхаплогрупа у популацији Србије, као и допринос различитих миграција у обликовању њеног митохондријског генског пула. Комплетно је секвенцирано 58 митогенома из српске популације, који су анализирани упоредо са савременим и древним евроазијским митогеномима доступним из литературе. Укључивањем митогенома из српске популације побољшане су процене времена настанка појединих мтДНК линија, дефинисане су нове и редифинисане неке од постојећих подклада мтДНК. Утврђено је да су у српској популацији присутне мтДНК линије које су потенцијално специфичне за Балканско полуострво (H6a2b, L2a1k1, K1a13a1, U1a1c2 и K1a4l), као и оне које су највероватније настале у јужној (H5*, H5e1 и U3a1d), средњој/источној (U2e1b1, U4a2a, U5b1a1), средњој/северној Европи (U4c1 и K1a4d), на Блиском истоку (HV2a2, U3a3 и N1b1a) и у источној Азији (D4j8). Један од важних резултата ове анализе водио је закључку да савремена популација Србије дели одређени број мтДНК подхаплогрупа са различитим словенским и/или германским популацијама северне и средње Европе.

У поглављу **Дискусија**, организованом у пет потпоглавља, кандидат је на адекватан начин тумачио и дискутовао добијене резултате, поредећи их са савременим научним сазнањима из релевантних научних области. Добијени резултати су критички анализирани и интерпретирани, а значај добијених резултата јасно је сагледан у ширем научном контексту. У оквиру првог потпоглавља дискутовано је о резултатима који се односе на генетичку разноврсност српске популације, поредећи добијене резултате са литературним подацима о другим европским популацијама. Наведено је да су спектар и учесталост мтДНК (под)хаплогрупа у српској и осталим европским популацијама слични, као и да су параметри генетичке разноврсности српске популације, добијени на основу анализа HVS-I и HVS-I/HVS-II региона, у опсегу вредности добијених за остале европске популације. У другом потпоглављу кандидат је дискутовао резултате о генетичкој структури испитиваних популација. Наглашена је хетерогеност српске популације,

одсуство статистички значајних разлика између српске и осталих јужнословенских популација, као и њен интермедијарни положај међу популацијама које насељавају источни (Бугарска и Македонија) и западни део (Словенија, Хрватска, Босна и Херцеговина) Балканског полуострва. Истакнут је значај ученог груписања испитиваних популација у складу са географском распрострањеношћу, као и груписања словенских популација према њиховој припадности одговарајућој језичкој породици, при чему су добијени резултати поређени са литературним подацима. У трећем потпоглављу, које се односи на филогеографску анализу хаплогрупа установљених на основу варијабилности HVSI/HVSII региона и информативних полиморфизама кодирајућег региона, кандидат је дискутовао установљене генеолошке односе хаплотипова из српске популације и њихову просторну дистрибуцију поредећи своје резултате са доступним литературним подацима о савременим и древним јединкама. Наведено је да су генеолошки односи (под)хаплогрупа, добијени у овом раду, у складу са генеолошким односима утврђеним у другим студијама. У случају ретких (под)хаплогрупа посебна пажња је посвећена дефинисању географских региона у којима је њихов генетички диверзитет висок. Кандидат је такве регионе означио као потенцијалне центре порекла датих (под)хаплогрупа и сугерисао је миграционе токове којима су оне могле dospети у српску популацију. Истакнут је налаз о високом нивоу генетичког диверзитета ретких (под)хаплогрупа на Балканском полуострву, и наведено је да оно представља један од значајних центара разноврсности мтДНК хаплогрупа у којем би се могле очекивати и мтДНК линије потенцијално специфичне за овај регион јужне Европе. Ови налази јесу у складу са чињеницом да је Балканско полуострво представљало један од глацијалних рефугијума са којег је отпочела пост-глацијална реколонизација Европе. Највиши проценат хаплотипова српска популација дели са осталим јужнословенским популацијама Балканског полуострва што је очекиван налаз с обзиром на географску блискост и заједничко културно-историјско наслеђе ових популација. У четвртном потпоглављу кандидат је, кроз упоредни приказ својих и доступних литературних података, дискутовао о резултатима филогенетских и филогеографских анализа комплетних митогенома из српске популације који припадају потенцијално информативним (под)хаплогрупама. Истакнут је значај ових анализа које су допринеле прецизнијој процени времена настанка појединих мтДНК линија у односу на раније налазе. На основу утврђене старости и географске распрострањености мтДНК линија изнете су претпоставке о могућим центрима њиховог порекла и правцима ширења. Присуство мтДНК линија заједничких за српску и источно- и западнословенске популације указало је на значајан допринос миграција словенских племена током раног средњег века у формирању генског фонда популације Србије. Налаз да су у српској популацији присутне мтДНК линије претежно присутне у германским популацијама северне и средње Европе објашњен је миграцијама германских племена крајем IV и почетком V в.н.е. Посебно је дискутовано порекло подхаплогрупе L2a1k1 у европским популацијама, где је кандидат на основу њене старости и географске распрострањености претпоставио да је она настала на Балканском полуострву током мезолита и да се проширила дуж Дунава приликом ширења неке од неолитских култура. Присуство појединих хаплогрупа у савременим европским популацијама објашњено је и миграцијама древних номада-сточара, носилаца јамне културе, током касног неолита и раног бронзаног доба. Присуство азијских хаплогрупа у популацији Србије повезано је са скоријим или древним миграцијама из Азије у Европу. У последњем, петом потпоглављу, кандидат је сумирао све налазе и на прегледан начин изложио чиниоце који су допринели обликовању савременог митохондријског генског пула српске популације. Истакнут је генетички допринос аутохтоних пре-словенских популација Балканског полуострва које су садржавале генетичке трагове различитих древних популација, а из којих су мигранти доспевали на Балкан у различитим временским периодима. Поред тога, у

митохондријском генском пулу уочљиви су генетички утицаји миграција из словенских и германских популација током раног средњег века.

У поглављу **Закључци** кандидат је јасно изложио најважније закључке овог рада. Добијени резултати су сумирани у укупно четрнаест закључака:

1. Анализа варијабилности кодирајућег, HVS-I и HVS-II региона мтДНК, која је омогућила сврставање детектованих мтДНК у одговарајуће хаплогрупе/подхаплогрупе, показала је да су у популацији Србије заступљене већином мтДНК хаплогрупе/подхаплогрупе карактеристичне за европске популације. Њихове процењене учесталости налазе се у оквирима учесталости које су карактеристичне и за остале европске популације. Поред тога, установљене су и ретке неевропске подхаплогрупе које су и у већини европских популација заступљене са ниском учесталошћу.
2. У популацији Србије су, на основу варијабилности HVS-I региона, детектоване високе вредности параметара генетичког диверзитета. Укључивањем HVS-II региона у анализу, вредности свих анализираних параметара генетичке разноврсности су повећане, са изузетком нуклеотидне разноврсности. Добијене мере налазе се у опсегу вредности параметара генетичке разноврсности осталих европских популација.
3. Популација Србије није значајно генетички диференцирана у односу на остале јужнословенске популације и у свим анализама заузима централну позицију између популација које насељавају источни (Македонија и Бугарска) и западни део Балканског полуострва (Босна и Херцеговина, Хрватска и Словенија). Уочени генетички односи су у складу и са географском дистрибуцијом испитиваних популација.
4. Анализиране европске популације груписане су на начин који одговара њиховој географској дистрибуцији, а словенске популације се групишу и у складу са припадношћу одговарајућој језичкој породици. Највећа хетерогеност популација утврђена је у јужнословенској групи. Германске и мађарска популација показују генетички афинитет ка словенским популацијама, што може бити последица повећаног протока гена између наведених група/популација.
5. На Балканском полуострву детектоване су високе вредности параметара генетичке разноврсности ретких мтДНК подхаплогрупа, попут HV2 и X2b. Стога се Балканско полуострво може сматрати једним од значајних центара разноврсности мтДНК хаплогрупа у којем би се могле очекивати и мтДНК линије специфичне за овај регион јужне Европе. Такав налаз је очекиван узимајући у обзир чињеницу да је Балкан представљао глацијални рефугијум.
6. Највећи проценат HVS-I и HVS-I/HVS-II хаплотипова српска популација дели са популацијама јужне Европе, и то првенствено са географски блиским популацијама Балканског полуострва које припадају јужнословенској групи. Поред тога, у српској популацији је уочен и значајан проценат приватних хаплотипова.
7. На основу филогенетске и филогеографске анализе комплетних митогенома у српској популацији било је могуће дати прецизније процене времена настанка појединих мтДНК линија у односу на раније налазе, детектовати линије потенцијално специфичне за Балканско полуострво, дати нови увид у порекло и еволуцију појединих мтДНК подхаплогрупа, као и у утицаје различитих миграција на формирање митохондријског генског пула савремене популације Србије.
8. У испитиваном узорку српске популације уочене су мтДНК подхаплогрупе које су највероватније настале у јужној Европи (H5*, U3a1d и U4b1a1a1a), као и оне

које су потенцијално специфичне за Балканско полуострво (K1a13a1, H6a2b, U1a1c2, U4c1b1, U5b3j и K1a4l).

9. Српска популација дели одређени број мтДНК подхаплогрупа са источно- и западнословенским популацијама, што подржава претпоставке о заједничком пореклу словенских популација и доприносу миграција Словена у обликовању митохондријског генског пула савремене српске популације.

10. Српска популација дели и одређене мтДНК подхаплогрупе са другим европским популацијама, попут подхаплогрупе K1a4d која је претежно заступљена у германским популацијама северне и средње Европе, што би се могло објаснити миграцијама германских племена попут Острогота, Визигота и Гепида, носиоца ове подхаплогрупе, на Балканско полуострво крајем IV и почетком V в.н.е.

11. Хаплотипови који припадају подхаплогрупама U4a2a, U4a2a1, U4a2b и U4a2g1 присутни су у словенским популацијама и германским популацијама северне и средње Европе, као и у Финској, што указује на њихово могуће средњеевропско порекло. Присуство ових подхаплогрупа у популацијама Балканског полуострва могло би бити последица миграција словенских племена током раног средњег века.

12. Имајући у виду процењену старост, као и географску распрострањеност подхаплогрупе L2a1k1, може се претпоставити да је она настала на Балканском полуострву и да се проширила у популацијама мезолита или неолитским популацијама које су припадале културама дунавске долине, попут Старчевачке, Винчанске и културе линеарнотракасте керамике.

13. Подхаплогрупе карактеристичне за азијске популације такође су детектоване у испитиваном узорку српске популације. Присуство подхаплогрупе D4j8 у српској популацији могло би се повезати са средњевековним војним походима азијских популација (Хуна, Авара и Монгола) по Балканском полуострву и њиховим генетичким упливом у популације које су већ постојале на овом подручју. Присуство подхаплогрупе HV2a2 у популацијама Балканског полуострва могло би представљати ефекат миграција из западне Азије у Европу дуж малоазијско-балканске руте, током средњег холоцена.

14. У обликовању савременог митохондријског генског пула српске популације важну улогу имале су: а) аутохтоне популације које су насељавале Балканско полуострво пре досељавања Словена и чији је генски фонд садржавао генетичке трагове бројних древних популација из којих су мигранти доспевали на Балкан у различитим временским периодима (нпр. носиоци јамне културе) и б) миграције из словенских и германских популација током раног средњег века. Стога се постојање изузетно велике разноврсности мтДНК савремене популације Србије може објаснити генетичким доприносом како словенских/германских тако и пре-словенских популација.

Поглавље **Литература** садржи 297 библиографских јединица. Литературни извори су адекватно и на одговарајућим местима цитирани у тексту докторске дисертације.

У поглављу **Прилог** представљене су табеле (12) и слике (40) који се односе на: 1) базе података који су коришћени за анализе, где су укључени и литературни извори, и 2) детаљнији приказ резултата који су у општијој форми представљени у поглављу Резултати.

Радови и конгресна саопштења из докторске дисертације:

Б1. Радови у часописима међународног значаја:

1. **M23** - Kovacevic Grujicic N, **Davidovic S**, Takic D, Mojsin M, Stevanovic M. 2012. Direct PCR amplification of HVSI region of mitochondrial DNA from buccal cell swabs. Archives of Biological Sciences 64:851-858.

Линк ка свесци: http://serbiosoc.org.rs/arch_old/VOL64/TOC64-3.htm

Линк ка раду: http://serbiosoc.org.rs/arch_old/VOL64/SVESKA3/04%20-%20Kovacevic%20Grujicic.pdf

2. **M21a** - **Davidovic S**, Malyarchuk B, Aleksic JM, Derenko M, Topalovic V, Litvinov A, Stevanovic M, Kovacevic-Grujicic N. 2015. Mitochondrial DNA perspective of Serbian genetic diversity. Am J Phys Anthropol 156(3):449-465.

<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/ajpa.22670>

3. **M21** - **Davidovic S**, Malyarchuk B, Aleksic J, Derenko M, Topalovic V, Litvinov A, Skonieczna K, Rogalla U, Grzybowski T, Stevanovic M, Kovacevic-Grujicic, N. 2017. Mitochondrial super-haplogroup U diversity in Serbians. Ann Hum Biol Jan 31:1-38

<https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/03014460.2017.1287954>

Б3. Конгресна саопштења на скуповима међународног значаја

1. **M34** - Kovačević-Grujičić N., Mojsin M., **Davidović S.**, Takić, D., Stevanović, M. Direct PCR amplification of HVSI region of mitochondrial DNA from buccal cell swabs. II Symposium of Population and Evolutionary Genetics PEG2012 with Satellite meeting: Population Genetics Studies of Complex Traits in Medicine, Belgrade, Serbia, May 9-12 2012. Book of abstracts: V-06P p 90.

2. **M34** - **Davidović S.**, Kovačević-Grujičić N., Mojsin M., Topalović V., Stevanović M. Polymorphism of the mitochondrial DNA control region in the population of Serbia. 9th International Y-chromosome workshop 6th International EMPOP meeting 2014: DNA in forensics, Brussels, Belgium, May 14-16 2014. Book of abstract: p 119.

3. **M34** - **Davidović S.**, Kovačević-Grujičić N., Aleksić J., Malyarchuk B., Derenko M., Topalović V., Litvinov A., Stevanović M. mtDNA sequence and haplogroup diversity of population of Serbia. V Congress of the Serbian Genetic Society, Kladovo-Belgrade, Serbia, September 28 - October 02 2014. Book of abstract: p 39.

4. **M34** - **Davidović S.**, Malyarchuk B., Derenko M., Topalović, Litvinov A., Stevanović M., Mojsin M., Popović J, Klajn A, Kovačević-Grujičić N. Phylogeny of mitochondrial DNA haplogroups found in Serbian population. 11th Balkan Congress of Human Genetics, Belgrade, Serbia, September 17-20 2015. Book of abstracts: p 20.

5. **M34 - Davidović S.**, Kovačević-Grujičić N., Aleksić J., Topalović V., Popović J., Klajn A., Mojsin M., Stevanović M. Mitochondrial DNA profile of the Serbian population. 9th ISABS Conference on Forensic, Anthropologic and Medical Genetics and Mayo Clinic Lectures in Individualized Medicine. Bol, Island of Brač, Croatia, June 22-26 2015. Book of abstracts: p 166.
6. **M34** - Litvinov A., Malyarchuk B., Derenko M., Grzybowski T., Denisova G., Rogalla U., Skonieczna K., **Davidović S.**, Kovačević-Grujičić N., Stevanović M. A mitogenomic phylogeny of macrohaplogroup U and signals for population expansions in Europe. 9th ISABS Conference on Forensic, Anthropologic and Medical Genetics and Mayo Clinic Lectures in Individualized Medicine. Bol, Island of Brač, Croatia, June 22-26 2015. Book of abstracts: p 160.
7. **M34 - Davidović S.**, Malyarchuk B., Aleksić J., Derenko M., Topalović V., Litvinov A., Stevanović M., Kovačević-Grujičić N. New insights into the mitochondrial diversity of the Serbian population based on completely sequenced mitogenomes. 9th ISABS Conference on Forensic, Anthropologic and Medical Genetics and Mayo Clinic Lectures in Individualized Medicine. Bol, Island of Brač, Croatia, June 22-26 2015. Book of abstracts: p 173.
8. **M34** - Kovačević-Grujičić N., **Davidović S.**, Malyarchuk B., Aleksić J., Derenko M., Topalović V., Litvinov A., Skonieczna K., Rogalla U., Grzybowski T., Stevanović M. Phylogeny of mitochondrial dna super-haplogroup U lineages detected in Serbians. 1st Congress of Molecular Biologists of Serbia, Belgrade, Serbia, September 20-22, 2017. Book of abstracts: p 50.

Мишљење и предлог Комисије:

Докторска дисертација кандидата **Слободана Б. Давидовића**, под насловом **„Анализа варијабилности митохондријске ДНК становника Републике Србије са популационо генетичког, филогенетског и филогеографског аспекта“**, представља свестран и оригиналан научни рад урађен по свим критеријумима научно-истраживачког рада. Циљеви докторске дисертације су јасно дефинисани и успешно реализовани, а коришћене методе истраживања и обраде резултата су савремене и адекватно одабране.

У оквиру дисертације кандидат је дао свеобухватан и детаљан увид у генетичку разноврсност становника Србије на нивоу мтДНК, утврдио сличности и разлике између српске и осталих европских популација и установио значај Балканског полуострва као једног од центара генетичке разноврсности. Резултати до којих је кандидат дошао значајно доприносе сагледавању варијабилности мтДНК популације Србије као и разумевању процеса који су довели до обликовања савременог митохондријског генског пула ове популације. Резултати приказани у овој дисертацији публиковани су у три оригинална научна рада (категорија M21a, M21 и M23) и представљени на осам међународних скупова.

На основу увида у експериментални рад, постигнуте резултате и прегледане докторске дисертације, Комисија закључује да су задаци постављени у циљевима дисертације испуњени у потпуности и да добијени резултати имају велики значај у научној области популационе генетике и еволуције. Стога Комисија предлаже Наставно-научном већу Биолошког факултета Универзитета у Београду да прихвати позитивну оцену докторске дисертације **Слободана Б. Давидовића**, под насловом **„Анализа варијабилности митохондријске ДНК становника Републике Србије са популационо генетичког, филогенетског и филогеографског аспекта“** и кандидату омогући јавну одбрану рада.

У Београду, 15.06.2018. године.

КОМИСИЈА:

др Наташа Ковачевић-Грујичић, виши научни сарадник, Универзитет у Београду - Институт за молекуларну генетику и генетичко инжењерство

академик др Милена Стевановић, научни саветник, Универзитет у Београду - Институт за молекуларну генетику и генетичко инжењерство, редовни професор, Универзитет у Београду - Биолошки факултет

др Биљана Стојковић, ванредни професор, Универзитет у Београду - Биолошки факултет

др Јелена Алексић, виши научни сарадник, Универзитет у Београду - Институт за молекуларну генетику и генетичко инжењерство