

НАСТАВНО-НАУЧНОМ ВЕЋУ УНИВЕРЗИТЕТА У БЕОГРАДУ - БИОЛОШКОГ ФАКУЛТЕТА

На VII редовној седници Наставно-научног већа Универзитета у Београду - Биолошког факултета, одржаној 12.05.2023. године, на основу молбе ментора, др Јелене Благојевић, научног саветника, Универзитета у Београду - Институт за биолошка истраживања „Синиша Станковић“, Институт од националног значаја за Републику Србију, и др Милана Пауновића, научног сарадника и музејског саветника Природњачког музеја у Београду, одређена је Комисија за преглед и оцену докторске дисертације **Бранке Б. Бајић** (рођене Пејић), истраживача сарадника Универзитета у Београду - Институт за биолошка истраживања „Синиша Станковић“, Институт од националног значаја за Републику Србију, под насловом: **„Генетички диверзитет и структура популација бескрилних мува фамилије Nycteribiidae и гриња фамилије Spinturnicidae, ектопаразита две литофилне врсте слепих мишева у Србији“**, у саставу:

- др Драгана Цветковић, ванредни професор, Универзитет у Београду - Биолошки факултет
- др Ивана Будински, виши научни сарадник, Универзитет у Београду - Институт за биолошка истраживања „Синиша Станковић“, Институт од националног значаја за Републику Србију
- др Марија Рајичић, научни сарадник, Универзитет у Београду - Институт за биолошка истраживања „Синиша Станковић“, Институт од националног значаја за Републику Србију

Комисија је прегледала урађену докторску дисертацију кандидаткиње и Наставно-научном већу Биолошког факултета Универзитета у Београду подноси следећи

ИЗВЕШТАЈ

1. Општи подаци о докторској дисертацији

Докторска дисертација **Бранке Б. Бајић** (рођене Пејић) под насловом **„Генетички диверзитет и структура популација бескрилних мува фамилије Nycteribiidae и гриња фамилије Spinturnicidae, ектопаразита две литофилне врсте слепих мишева у Србији“** садржи: Насловну страну на српском и енглеском језику, Страну са подацима о менторима и члановима комисије, Захвалницу, Стране са подацима о докторској дисертацији и Сажетак на српском и енглеском језику, Садржај, Текст рада по поглављима, Биографију аутора и попуњене и потписане изјаве.

Докторска дисертација је написана на 124 стране и садржи 14 табела (4 у поглављу Материјал и методе и 10 у поглављу Резултати), 37 слика (6 у поглављу Увод, 2 у поглављу Материјал и методе, 28 у поглављу Резултати и 1 у поглављу Дискусија) и 223 библиографске јединице. Пагинирани текст подељен је у 8 поглавља: **Увод** (17 страна), **Циљеви** (1 страна), **Материјал и методе** (11 страна), **Резултати** (32 страна), **Дискусија** (11 страна), **Закључци** (2 страна), **Литература** (13 страна), **Прилози** (37 страна). Врсте слепих мишева коришћене у овој студији потичу из природних популација, нису жртвоване него су неповређене пуштане непосредно

након процесирања, а за њихово хватање и руковање аутор је имао све потребне дозволе, уврштене у прилоге тезе.

2. Анализа докторске дисертације

Предмет докторске дисертације **Бранке Бајић** је анализа генетичког диверзитета и структуре популација бескрилних мува (фамилија Nycteribiidae), и крилних гриња (фамилија Spinturnicidae) које паразитирају на крзну и кожи две врсте слепих мишева (велики потковичар *Rhinolophus ferrumequinum* и европски дугокрилаш *Miniopterus schreibersii*). Ове две врсте домаћина се разликују по густини и величини колонија које образују, контактима које имају са другим врстама слепих мишева и миграторном потенцијалу, а неретко користе иста подземна склоништа. Чињеница да могу бити у блиском физичком контакту потенцијално пружа прилику њиховим ектопаразитима да прелазе са једне врсте домаћина на другу. Истраживан је састав врста ектопаразита и њихова специфичност према две домаћинске врсте, на девет локалитета, од којих су неки били дељени, а неки ексклузивни. Након прикупљања узорака, примењене су методе изолације ДНК ектопаразита, умножавања фрагмената одабраних гена митохондријске ДНК (ген за цитохром-оксидазу I (*COI*) код мува и ген за 16S субјединицу рибозомалне РНК код гриња), њиховог секвенцирања, те даља анализа ових секвенци. Додатно, анализирана је структура популација и генетички диверзитет одабране врсте домаћина - европског дугокрилаша, анализом фрагмента гена за хиперваријабилни регион 1 (*HVI*). Добијени параметри генетичког диверзитета поређени су са генетичким диверзитетом ектопаразита пронађених на њему. У укупном узорку бескрилних мува тестирано је присуство крвног паразита *Polychromophilus* spp. а потом су код позитивних узорака секвенцирани фрагменти гена за цитохром-оксидазу I и цитохром-б (*Cytb*), који су даље анализирани како би се добио увид у генетички диверзитет овог хиперпаразита. Хипотезе ове студије биле су: да ће се, захваљујући повременом контакту, заједница врста паразита на обе врсте домаћина барем делимично преклапати, али са нижом преваленцом инфекције не-примарног домаћина; да ће паразити пореклом са домаћина *M. schreibersii* имати веће вредности параметара генетичког диверзитета због социјалног и миграторног понашања врсте домаћина. Обзиром да су ове две домаћинске врсте највероватније подложне различитим врстама рода *Polychromophilus* (*M. schreibersii* - *Polychromophilus melanipherus*, *R. ferrumequinum* - *P. murinus*), претпостављено је да ће у случају случајног преласка бескрилне муве на нетипичног домаћина, заједно са њом и *Polychromophilus* sp. имати прилику да зарази нетипичну врсту слепог миша домаћина.

Кандидаткиња је поглавље **УВОД** поделила на седам потпоглавља и дала прво кратак приказ најважнијих особина сисарског реда слепих мишева, а потом детаљније представила испитиване објекте – две врсте слепих мишева домаћина. Следи кратак преглед односа паразит-домаћин, опис основних одлика испитиваних ектопаразитских група, бескрилних мува и гриња, праћен увођењем појма специфичности према домаћинској врсти. У шестом потпоглављу се говори о хиперпаразитима, укључујући и две групе релевантне за ову студију, гљивице породице Laboulbeniales и крвног паразита из рода *Polychromophilus* чији су вектор бескрилне муве. Увод завршава са потпоглављем које сумира употребу молекуларних маркера у проучавању генетичке варијабилности популација и даје преглед до сада објављених студија о генетичкој структури и диверзитету врста бескрилних мува и гриња које паразитирају на

европским врстама слепих мишева. Бескрилне муве и гриње слепих мишева са подручја Србије нису до сада биле истраживане употребом генетичких маркера.

У оквиру поглавља **ЦИЉЕВИ** јасно су постављени циљеви истраживања: Идентификовати врсте бескрилних мува и гриња (морфолошки и генетички) и проценити степен специфичности према домаћинској врсти, а потом и квантитативно анализирати паразитираност две домаћинске врсте; Анализирати молекуларни диверзитет и структурираност популација пронађених врста ектопаразита и једног одабраног домаћина (европског дугокрилаша) на основу анализе варијабилности ДНК секвенци одабраних гена; Анализирати присуство и генетички диверзитет крвног паразита *Polychromophilus* у бескрилним мувама.

У оквиру поглавља **МАТЕРИЈАЛ И МЕТОДЕ**, које садржи седам потпоглавља, кандидаткиња је дала детаљан преглед свих коришћених приступа и метода. Методе су дате у фазама у којима се одвијао експеримент: прикупљање узорака – идентификација врста ектопаразита – анализа паразитираности; потом фазе молекуларне анализе: изолација и умножавање фрагмената ДНК – реакције пречишћавања и умножавања – анализа секвенци – компаративна анализа домаћина и ектопаразита. На мапи је дат преглед локалитета на којима су сакупљани узорци (ексклузивни или дељени), а у табели бројеви узорака по локалитетима и врстама. Укупно је са 241 јединке домаћина (*Miniopterus schreibersii* 168, *Rhinolophus ferrumequinum* 73) прикупљено 369 јединки бескрилних мува (4 врсте) и 564 јединки гриња (2 врсте). Добијене секвенце су сечене и поравнате помоћу програма CodoneCodeAligner или Clustal W алгорита имплементираних у софтверу MEGA6, а потом депоноване у GenBank базу. За све врсте, основни параметри молекуларног диверзитета нуклеотидних секвенци (број хаплотипова, диверзитет хаплотипова, број полиморфних места, број нуклеотидних разлика и нуклеотидни диверзитет) одређени су помоћу програма DnaSP6, а секвенце груписане у хаплотипове. Односи између хаплотипова су визуализовани конструисањем мрежа хаплотипова у PopART софтверу. Додатно су секвенцама ове студије придружене претходно објављене доступне секвенце других аутора из GenBank базе (дато у Прилозима), и коришћењем *Median-joining* методе конструисана мрежа хаплотипова проширеног сета, како би се видело груписање секвенци пореклом из Србије и Босне и Херцеговине у односу на остатак Европе и света. Анализа еволуционе дивергенције између секвенци проширеног сета урађена је помоћу програма MEGA6, користећи *Maximum Composite Likelihood* модел. За тестирање присуства просторно и генетички дефинисаних група, односно за анализу структуре популација, кориштени су Geneland програмски пакет у R програмском језику и програм BAPS, а потом је тестирана генетичка диференцијација између дефинисаних група анализом молекуларне варијансе (AMOVA) и поређењем вредности индекса фиксације F_{ST} . Поређењем дистрибуције парова нуклеотидних разлика (енг. *mismatch distribution*) урађена је анализа демографске историје сетова секвенци испитиваних гена за све истраживане врсте, у програму ARLEQUIN а графикони и тестови неутралности урађени су у програму DnaSP6. У програму ARLEQUIN урађено је поређење параметара генетичке диференцијације F_{ST} између свих популација (локалитета), за одабрану врсту домаћина (*M. schreibersii*), једну врсту муве (*N. schmidlii*) и једну врсту гриње (*S. psi*), а потом су парцијалним Мантел тестом у програму GenAlEx поређене матрице генетичких дистанци домаћина и паразита.

У поглављу **РЕЗУЛТАТИ** кандидаткиња излаже своје резултате у девет потпоглавља. Прво се односи на резултате који се баве морфолошком и генетичком идентификацијом врста, као и специјализованошћу ектопаразита за врсту домаћина, са акцентом на одсуство случајева унакрсне инфекције између две домаћинске врсте. Идентификоване су три врсте бескрилних мува (*Nycteribia schmidlii*, *Penicillidia*

conspicua, *P. dufourii*) и једна врста гриње (*Spinturnix psi*) на домаћину *M. schreibersii*, а једна врста бескрилне муве (*Phthiridium biarticulatum*) и једна врста гриње (*Eyndhovenia euryalis*) на домаћину *R. ferrumequium*. Следеће потпоглавље наводи случајни налаз хиперпаразитске гљивице из рода *Arthrorhynchus* на мањем броју мува (4%) пореклом са *M. schreibersii*, а потом прелази на резултате квантитативне анализе инфицираности паразитима, приказане табелама и графицима. Паразитираност грињама била је већа него мувама. Домаћинска врста која формира веће и компактније колоније, и мигрира на веће дистанце, *M. schreibersii*, имала је већи интензитет инфекције и диверзитет врста бескрилних мува које на њој паразитирају. Друга целина приказује резултате молекуларних анализа ДНК ектопаразита, излажући прво све врсте нађене на домаћину *M. schreibersii*, па све врсте нађене на домаћину *R. ferrumequium*. Овај део обилује сликама приказа мапа дистрибуције хаплотипова, као и мрежа хаплотипова, за сваку од врста, као и табелама са најважнијим параметрима молекуларног диверзитета нуклеотидних секвенци. Добијени параметри генетичког диверзитета за врсте мува прикупљене са домаћина врсте *M. schreibersii* били су виши него за врсту муве са другог проучаваног домаћина, *R. ferrumequium*. Затим, следи потпоглавље са резултатима о инфицираности бескрилних мува крвним паразитом из рода *Polychromophilus*, који је у свим узорцима ове студије молекуларно идентификован као *P. melanipherus*. Инфекција је забележена код 32 јединке бескрилних мува које су паразитирале на домаћину *M. schreibersii*, и то припадницама све три врсте: *N. schmidlii*, *P. conspicua* и *P. dufourii*. Забележен је само један случај инфекције код врсте муве *Ph. biarticulatum*, пореклом са домаћина *R. ferrumequium*. Забележено је четири хаплотипа *P. melanipherus* за ген *COI*, односно пет за ген *Cytb*. Генетички диверзитет одабране домаћинске врсте, *M. schreibersii* добијен у овој студији приближан је вредностима параметара уоченим код његових бескрилних мува, и са јединственом популацијом без уоченог структурирања. Ова студија допринела је са шест нових, претходно необјављених хаплотипова ове врсте слепог миша, са територије Србије. Поређење параметара генетичких дистанци популација ове домаћинске врсте и двеју ектопаразитских врста, муве *N. schmidlii* и гриње *S. psi* није показало статистички значајну корелацију.

У поглављу **ДИСКУСИЈА**, добијени резултати поређени су и критички разматрани у односу на досадашња литературна сазнања из области, у укупно осам потпоглавља. Пре свега, кандидаткиња дискутује о високој специфичности ектопаразита прикупљених у оквиру ове студије, без и једног случаја унакрсне инфекције. Иако у светлу претходних истраживања и потврде специфичности ових врста за своју примарну домаћинску врсту нису неочекивани, ови резултати су ипак изненађујући будући да су изостали чак и спорадични случајеви преласка на нетипичног домаћина, упркос блиском контакту две домаћинске врсте на неким од локалитета. Преваленца инфекције хиперпаразитском гљивицом из рода *Arthrorhynchus* на бескрилним мувама ове студије била је у складу са преваленцама описаним у претходно објављиваним студијама (2-9%), а све заражене муве су припадале врсти *Penicillidia conspicua*. Преваленца инфекција ове врсте такође је била у складу са претходно објављиваним студијама (23.1%), чинећи је највише инфицираном врстом. У потпоглављу *Квантитативна анализа инфицираности* кандидаткиња објашњава могуће узроке веће бројности гриња на домаћинима слепим мишевима: одбрана од бескрилних мува тимарењем је успешнија, односно део мува бива механички отклоњен; затим, муве саме напуштају домаћина како би се размножавале, док гриње то никада не чине. Величина колонија домаћина позитивно је корелисана са преваленцом и интензитетом инфекције бескрилним мувама, што је потврђено и у овој студији - *M. schreibersii* је озбиљније паразитиран и са већим

диверзитетом паразитских врста од домаћина *R. ferrumequium*. Миграторни потенцијал домаћинске врсте такође може да допринесе размени ектопаразита, јер са већим ареалом активности, врста потенцијално долази у контакт и са већим диверзитетом паразита. У потпоглављу *Параметри молекуларног диверзитета, структура популација и анализа хаплотипова ектопаразита*, дискутује се о приметно већим параметрима молекуларног диверзитета врста мува пореклом са домаћина *M. schreibersii*, што се делимично објашњава бољом повезаношћу популација ове домаћинске врсте, која сезонски мигрира и мења склоништа на ширем географском подручју у поређењу са другом домаћинском врстом. Међу грињама, генетички диверзитет нуклеотидних секвенци испитиваног гена био је низак и приближно једнак за оба домаћина, што се објашњава великим флукуацијама у бројности кроз које гриње пролазе сезонски, праћено ефектима уског грла, и каснијим потенцијалним повећањем генетичког оптерећења. Ни код једне проучаване врсте паразита није добијена структурираност популација, што сведочи о доброј повезаности локалитета широм Србије и размени гена између њих. Звездаста топологија мреже хаплотипова већине врста указује на порекло из истих глацијалних рефугијума. Код врста мува пореклом са домаћина *M. schreibersii* постоје назнаке нагле демографске експанзије у прошлости, а код муве пореклом са *R. ferrumequium* и гриња са оба домаћина, ради се о константној величини популација у прошлости и одсуству експанзије. Претпоставка је да седентарно понашање домаћинске врсте *R. ferrumequium*, приврженост истим склоништима током читавог живота и прелажење малих дистанци утиче и на стабилност величине популација њених ектопаразитских врста. Параметри рецентног раста популација присутни код обе врсте гриња, у складу су са сезонском динамиком гриња. Поређењем секвенци добијених у овој студији са другим, доступним секвенцама из света, за сваку од проучаваних врста, евидентан је одређен степен преклапања, што сведочи о постојању већих, јединствених популација и размени гена (прошлој или садашњој), али и одређен степен новоописаних, за Србију јединствених хаплотипова, као допринос ове студије. За врсту муве *Nycteribia schmidlii* и грињу *Eyndhovenia euryalis* кандидаткиња пријављује потенцијално постојање криптичног диверзитета унутар врста, те предлаже даља истраживања на овим објектима. У потпоглављу које дискутује о инфекцији бескрилних мува крвним паразитом из рода *Polychromophilus* објашњава високу стопу инфекције мува рода *Penicillidia* и потенцијала за унакрсну инфекцију у склоништима која деле различите врсте слепих мишева. Све инфекције су идентификоване молекуларно као *P. melanipherus*, укључујући и први забележени случај инфекције муве *Ph. biarticulatum* овом врстом крвног паразита. Ауторка наглашава да није познато да ли се ради о детектовању праве инфекције или о детектовању ДНК из заосталог оброка крви муве. Даље дискутује о потврђеној међусобној повезаности локалитета ове студије путем налаза прстенованих јединки слепих мишева и значају употребе хематофагних ектопаразита за претрагу микропаразита и патогена у популацијама слепих мишева. У наредном потпоглављу дискутује о генетичком диверзитету и богатству хаплотипова одабране врсте домаћина, *M. schreibersii*.

На основу добијених резултата у поглављу **ЗАКЉУЧЦИ**, кандидаткиња износи следеће ставове: Врсте бескрилних мува и гриња пронађених на две врсте домаћина слепих мишева које деле склониште, *M. schreibersii* и *R. ferrumequium*, показују високу специфичност потврђујући специјализацију врста у обе паразитске групе ка свом примарном домаћину. Употреба молекуларног баркодирања за потврду идентитета врста показала се као важна за прецизнију карактеризацију стопе секундарних инфекција. Ово је прва студија која анализира генетички диверзитет бескрилних мува и гриња слепих мишева у Србији. Детектован је значајан сет нових хаплотипова за свих

шест проучаваних ектопаразитских врста који доприноси референтној бази података са секвенцама гена бескрилних мува и гриња европских врста слепих мишева, што је значајно за будуће компаративне анализе ектопаразитских врста. Већа паразитираност грињама него бескрилним мувама код обе истраживане врсте слепих мишева може се објаснити одређеним особинама животне историје ових организама, а нарочито репродуктивним понашањем. У складу са постављеном хипотезом, домаћинска врста која формира веће и компактније колоније, и мигрира на веће дистанце, *M. schreibersii*, имала је већи интензитет инфекције и диверзитет врста бескрилних мува које на њој паразитирају. Добијени параметри генетичког диверзитета за врсте бескрилних мува прикупљених са бројнијег и мобилнијег домаћина врсте *M. schreibersii*, били су виши него за врсте мува са другог проучаваног домаћина, *R. ferrumequinum*, што је у складу са постављеном хипотезом. Имајући у виду њихову блиску везу са домаћином, диверзитет врста и разлике у репродуктивним особинама животне историје, бескрилне муве фамилије Nycteribiidae и гриње фамилије Spinturnicidae представљају перспективан компаративни систем који може да помогне да се динамика домаћин – паразит додатно и детаљно истражи. Будућа истраживања хиперпаразитске гљивице из рода *Arthrorhynchus* могла би додати још један ниво у однос домаћин – паразит система проучаваног овде, уколико се врсте ове гљивице покажу као високо-специфичне за врсте бескрилних мува на којима паразитирају. Резултати ове студије доприносе новим сазнањима о преваленци, дистрибуцији и генетичком диверзитету крвног паразита *Polychromophilus melanipherus* код европских врста слепих мишева и вектора, бескрилних мува из фамилије Nycteribiidae. Потврђен је значај употребе ектопаразита који се хране крвљу у неинвазивном тестирању популација слепих мишева на присуство инфекција, што представља алтернативни приступ у односу на класичне студије у којима се узоркује крв домаћина. Системи домаћин-паразит су, због своје комплексности која је последица коеволуције, од посебног значаја за еволуциону екологију, а истраживања на слепим мишевима и њиховим паразитима важна су како са аспекта заштите угрожених врста слепих мишева и њихових склоништа, тако и из перспективе људског здравља.

Поглавље **ЛИТЕРАТУРА** садржи 223 библиографске јединице које су адекватно наведене, и цитиране у тексту дисертације.

Поглавље **ПРИЛОЗИ** садржи листу дозвола за истраживање слепих мишева у Србији и Босни и Херцеговини, 5 табела (јединствене секвенце ове студије депоноване у GenBank базу, секвенце бескрилних мува и гриња из претходно објављених студија које су коришћене у проширеним сетовима података, температурни протоколи PCR реакција, секвенце *Polychromophilus melanipherus* из претходно објављених студија, секвенце *M. schreibersii* из претходно објављених студија), 8 матрица процене степена еволуционе дивергенције секвенци, 5 графика анализе структурираности популација из програма BAPS, 8 графика *Mismatch* анализе дистрибуције парова нуклеотидних разлика и графичке примере резултата анализе структурираности из програма Geneland.

Радови и конгресна саопштења из докторске дисертације

Б1. Радови у часописима међународног значаја

1. **Pejić B**, Budinski I, van Schaik J, Blagojević J (2022) Sharing roosts but not ectoparasites: high host-specificity in bat flies and wing mites of *Miniopterus schreibersii* and *Rhinolophus ferrumequinum* (Mammalia: Chiroptera). *Current Zoology* 68: 507–516. doi: <https://doi.org/10.1093/cz/zoab086> **M21** (IF₂₀₂₁: 2.734)

2. **Bajić B**, Werb O, Budinski I, Blagojević J, Schaer J, van Schaik J (2023) Non-invasive investigation of *Polychromophilus* parasite infections in bat populations in Serbia using bat flies. *Parasites and Vectors*. <https://doi.org/10.1186/s13071-023-05786-1> **M21** (IF₂₀₂₁: 4.047)

Б2. Конгресна саопштења на скуповима међународног значаја

1. **Pejić B**, van Schaik J, Budinski I, Blagojević J (2019) Genetic diversity of bat-flies and mites in two cave-dwelling bat species in Serbia. VI Congress of the Serbian Genetic Society, 13-17.10.2019. Vrnjačka Banja, Serbia. Book of abstracts p. 175. **M34**
2. **Pejić B**, Budinski I, Blagojević J (2021) Ectoparasite bat flies (Diptera: Nycteribiidae) of Schreiber's bent-winged bat and their fungus parasite. 13th European Multicolloquium of Parasitology, 12-16.10.2021. Belgrade, Serbia. Book of abstracts p. 81. **M34**
3. Werb O, **Pejić B**, van Schaik J, Chumnandee C, Pha-obnga N, Schaer J (2022) Molecular investigation of *Polychromophilus* parasites – data from infections in bat flies of *Miniopterus* bats in Serbia and in *Scotophilus* bats in Thailand. Institute of Biology, Humboldt University, Berlin, Germany. 5th International Conference on Malaria and related Haemosporidian Parasites of Wildlife. 5-8. September 2022, Bielefeld, Germany. **M34**

Провера оригиналности докторске дисертације

На основу Правилника о поступку провере оригиналности докторских дисертација које се бране на Универзитету у Београду и налаза у извештају из програма iThenticate којим је извршена провера оригиналности докторске дисертације „Генетички диверзитет и структура популација бескрилних мува фамилије Nycteribiidae и гриња фамилије Spinturnicidae, ектопаразита две литофилне врсте слепих мишева у Србији”, аутора **Бранке Б. Бајић**, утврђено је подударане текста које износи 6%. У прилогу се налази Оцена Извештаја о провери оригиналности докторске дисертације, поднета од стране ментора.

Мишљење и предлог Комисије

Докторска дисертација кандидаткиње **Бранке Б. Бајић** под насловом „Генетички диверзитет и структура популација бескрилних мува фамилије *Nycteribiidae* и гриња фамилије *Spinturnicidae*, ектопаразита две литофилне врсте слепих мишева у Србији”, урађена је у оквиру два национална пројекта, а резултати проистекли из ње објављени су у два међународна часописа категорије M21, чиме су потврђени значај и актуелност тематике. Увидом у докторску дисертацију, Комисија констатује да она представља оригинални научни рад кандидаткиње, и прво истраживање генетичког диверзитета митохондријских гена бескрилних мува и гриња, ектопаразита две врсте слепих мишева у Србији. Резултати доприносе разумевању образаца генетичког диверзитета и популационе структуре ектопаразита слепих мишева, са потенцијалом да помогну расветљавању њихове улоге као вектора патогена. Истраживања на систему домаћин-паразит, у случају слепих мишева и њихових паразита, важна су како са аспекта заштите угрожених врста слепих мишева, тако и са аспекта заштите јавног здравља.

Имајући у виду наведене чињенице, Комисија предлаже Наставно-научном већу Биолошког факултета Универзитета у Београду да прихвати позитивну оцену докторске дисертације кандидаткиње **Бранке Б. Бајић** под насловом „Генетички диверзитет и структура популација бескрилних мува фамилије *Nycteribiidae* и гриња фамилије *Spinturnicidae*, ектопаразита две литофилне врсте слепих мишева у Србији” и одобри кандидаткињи јавну одбрану.

КОМИСИЈА:

У Београду, 12.05.2023. године

др Драгана Цветковић, ванредни професор,
Универзитет у Београду - Биолошки факултет

др Ивана Будински, виши научни сарадник,
Универзитет у Београду - Институт за биолошка
истраживања „Синиша Станковић“ – Институт од
националног значаја за Републику Србију

др Марија Рајичић, научни сарадник,
Универзитет у Београду - Институт за биолошка
истраживања „Синиша Станковић“ – Институт од
националног значаја за Републику Србију