

УНИВЕРЗИТЕТ У НОВОМ САДУ

ПРИРОДНО-МАТЕМАТИЧКИ ФАКУЛТЕТ

ИЗВЕШТАЈ О ОЦЕНИ ДОКТОРСКЕ ДИСЕРТАЦИЈЕ КАНДИДАТА НЕВЕНЕ ВЕЛИЧКОВИЋ

I ПОДАЦИ О КОМИСИЈИ
<p>1. Датум и орган који је именовео комисију 27.05.2014. Наставно-научно веће Природно-математичког факултета у Новом Саду</p> <p>2. Састав комисије са назнаком имена и презимена сваког члана, звања, назива уже научне области за коју је изабран у звање, датума избора у звање и назив факултета, установе у којој је члан комисије запослен:</p> <ul style="list-style-type: none">- др Драгана Обрехт, ванредни професор, Генетика, 17.11.2010., Природно-математички факултет, Нови Сад, председник- др Михајла Ђан, ванредни професор, Генетика; 17.07.2013., Природно-математички факултет, Нови Сад, ментор- др Милош Беуковић, ванредни професор, Исхрана животиња, 3.12.2009., Пољопривредни факултет, Нови Сад, члан- др Карлос Фонсека, ванредни професор, Екологија, 2014., Департман за биологију, Универзитет у Авеиру, Португалија, члан
II ПОДАЦИ О КАНДИДАТУ
<p>1. Име, име једног родитеља, презиме: Невена, Ненад, Величковић</p> <p>2. Датум рођења, општина, држава: 27.11.1984., Нови Сад, Република Србија</p> <p>3. Назив факултета, назив студијског програма дипломских академских студија – мастер и стечени стручни назив Природно-математички факултет, Универзитет у Новом Саду, Дипломске академске студије биологије, модул Функционална биологија, стечени стручни назив: Дипломирани молекуларни биолог - мастер</p> <p>4. Година уписа на докторске студије и назив студијског програма докторских студија Докторске студије уписане школске 2008/2009.; Доктор биолошких наука</p> <p>5. Назив факултета, назив магистарске тезе, научна област и датум одбране: /</p> <p>6. Научна област из које је стечено академско звање магистра наука: /</p>
III НАСЛОВ ДОКТОРСКЕ ДИСЕРТАЦИЈЕ:
„Генетичка анализа популационе структуре и филогеографија дивље свиње (<i>Sus scrofa</i> Linnaeus, 1758)“

IV ПРЕГЛЕД ДОКТОРСКЕ ДИСЕРТАЦИЈЕ:

Навести кратак садржај са назнаком броја страна, поглавља, слика, шема, графикона и сл. Докторска дисертација „Генетичка анализа популационе структуре и филогеографија дивље свиње (*Sus scrofa* Linnaeus, 1758)“ кандидата Невене Величковић написана је на 134 стране текста, подељеног у 9 поглавља (увод – 3 стране, преглед литературе – 13 страна, циљ истраживања – 3 стране, радна хипотеза – 1 страна, материјал и методе – 15 страна, резултати – 55 страна, дискусија – 25 страна, заључак – 2 стране, литература – 17 страна). Рад садржи 34 слике, 12 табела, 175 литературних навода, 1 прилог и проширени извод на енглеском језику написан на 23 странице. На почетку докторске дисертације налази се Захвалница, Садржај и Листе скраћеница кориштених у тексту. На крају се налази биографија кандидата и неопходна кључна документација на српском и енглеском језику.

V ВРЕДНОВАЊЕ ПОЈЕДИНИХ ДЕЛОВА ДОКТОРСКЕ ДИСЕРТАЦИЈЕ:

У поглављу УВОД кандидат износи основне смерове на пољу истраживања генетичког диверзитета у природним популацијама дивљачи са посебним освртом због чега су популационо генетичке студије врсте *Sus scrofa* важне за развој адекватног управљања врстом.

Поглавље ПРЕГЛЕД ЛИТЕРАТУРЕ садржи преглед најновијих сазнања у вези са применом молекуларно-генетичких метода у анализама природних популација. Такође, дат је детаљан преглед најновијих сазнања о варијабилности микросателита и мтДНК у популацијама дивље свиње, као и преглед основних карактеристика врсте *Sus scrofa*.

Обзиром да генетички диверзитет и структура популација дивље свиње на Балкану још увек није довољно истражена и узимајући у обзир да је до данас објављен мали број истраживања популација дивље свиње Европе применом нуклеарних маркера, кандидат поставља следеће ЦИЉЕВЕ ИСТРАЖИВАЊА: (1) Одређивање полиморфности једанаест тетрануклеотидних микросателитских локуса у популацијама дивље свиње Европе; детекција присутних алела и одређивање фреквенције алела у популацијама, утврђивање популационе структуре и основних параметара интра- и интерпопулационе варијабилности. Поређење нивоа генетичке варијабилности на основу полиморфности микросателита са публикованим подацима о варијабилности нуклеарног генома у популацијама дивље свиње различитих региона. (2) Одређивање варијабилности секвенце контролног региона мтДНК код јединки дивљих свиња са простора Балканског полуострва, откривање присутних хаплотипова, утврђивање параметара генетичког диверзитета на основу варијабилности мтДНК и утврђивање могуће структурираности популација на Балкану. (3) Одређивање филогенетичке и филогеографске позиције популација дивље свиње са Балкана у Европско/Евроазијском контексту поређењем добијених секвенци мтДНК са у Ген Банци доступним секвенцама дивљих свиња света и утврђивање јединствених хаплотипова карактеристичних за популације дивље свиње на Балкану.

На основу прегледа литературе кандидат поставља следеће одреднице РАДНЕ ХИПОТЕЗЕ: Очекује се да су одабрани микросателити примењиви молекуларни маркери у анализама структуре и генетичког диверзитета популација дивље свиње и да испољавају адекватан ниво полиморфности. Такође се очекује да је хиперваријабилни домен 1 (CR-1) мтДНК одговарајући генетички маркер у популационо-генетичким, филогенетичким и филогеографским студијама врсте студијама врсте *Sus scrofa*. Присутан је висок генетички диверзитет дивљих свиња на Балкану, где је највећи у јужним деловима и смањује се ка северу. Постоји структурираност популација дивље свиње на Балкану и у Европи. У популацијама дивље свиње на Балкану постоје јединствени алели микросателитских локуса и хаплотипови мтДНК који до данас нису регистровани у популацијама дивље свиње у Европи. Свеобухватне генетичке анализе популација дивљих свиња би требало да пруже јасне доказе у корист теорије постгласијалне експанзије дивљих свиња са сва три јужна полуострва Европе, према теорији експазивног фронта (енгл. *leading-edge hypothesis*), као и на кључну улогу Балканског полуострва у том процесу. Такође, свеобухватне генетичке анализе показују генетичке сигнале демографске експанзије популација дивље свиње Европског континента.

Поглавље МАТЕРИЈАЛ И МЕТОДЕ садржи детаљан опис материјала који је испитиван са информацијама о типу ткива које је послужило као извор за изолацију ДНК и са јасно, на приложеној карти, означеним локалитетима где су јединке изловљене. У овом поглављу налази се и подпоглавље које се бави детаљним прегледом кориштених лабораторијских метода за анализе полиморфности 11 микросателитских локуса и анализе секвенце хиперваријабилног домена 1 мтДНК са опсежним описом који омогућава да на основу процедура наведених у овој докторској дисертацији слични експерименти могу бити лако спроведени. У подпоглављу које се бави

методама статистичке обраде података кандидат је навео разлог због кога су поједини програми одабрани, опширан опис кориштених статистичких пакета из области популационе генетике, као и детаље анализа и образложења за дефинисање појединих параметара у статистичким пакетима.

РЕЗУЛТАТИ рада су изложени у шестом поглављу, а текстуални приказ је илустрован са 34 слике и 12 табела. У првом делу су систематично и јасно приказани резултати анализе структуре популација дивље свиње у Европи на основу анализе микросателитских локуса. Подаци добијени применом различитих статистичких анализа су адекватно табеларно или графички приказани што олакшава праћење разлика и специфичности примењених тестова. Додатни подаци, неопходни за добијање интегративног модела о структури анализираних популација, добијени су анализом броја миграната и хибрида између дефинисаних субпопулација, као и кроз резултате тестова којима је испитано да ли су субпопулације дивље свиње прошле кроз уско грло. У подпоглављу које се бави генетичком варијабилности популација дивље свиње у Европи приказани су подаци о алелној варијабилности микросателита у предходно дефинисаним субпопулацијама, као и генетичка дивергенција истих. Други део поглавља РЕЗУЛТАТИ чине подаци добијени сагледавањем полиморфности хиперваријабилног домена 1 мтДНК, са анализом полиморфности и дистрибуције CR-1 хаплотипова и анализом генетичке структуре и варијабилности популација дивље свиње на Балкану. У овом делу су такође приказани резултати свеобухватне филогенетичке и филогеографске анализе у популацијама дивље свиње у Европи и Евроазији. Сви резултати добијени на основу секвенци мтДНК су адекватно обрађени и јасно графички приказани.

У делу ДИСКУСИЈА, кандидат је дао критичку анализу и интерпретацију експерименталних резултата. На основу добијених резултата кандидат пореди полиморфност микросателита и CR-1 мтДНК у анализираном узорку дивљих свиња Европе са резултатима претходних популационо-генетичких студија спроведеним у популацијама дивље свиње Европе. Кандидат је у раду утврдио постојање структурираности популација дивље свиње у Европи, и да је проток гена између дефинисаних субпопулација релативно мали с обзиром да је у поређењима парова субпопулација откривен мали број миграната и хибрида између њих и да је коефицијент генетичке удаљености (F_{ST}) показао средњи и висок степен генетичке диференцијације за већину парова субпопулација. На основу анализе 11 тетрануклеотидних микросателита утврђен је висок ниво генетичког диверзитета у популацијама дивље свиње Европе, што указује на чињеницу да популације ове врсте поседују висок генетички потенцијал. Укупно 11 нових хаплотипова CR-1 мтДНК је пронађено на Балкану, од чега је 5 било јединствено за Балканско полуострво. На основу анализе секвенци мтДНК потврђено је да дивље свиње у Европи показују сигнал демографске експанзије и да је експанзија Европске хаплогрупе E1 почела након последње глацијације што је у складу са теоријом о постглацијалној реколонијацији Европе. Сагледавањем резултата кандидат указује на чињеницу да су сва три јужна полуострва Европе (Балканско, Ибериско и Апенинско) учествовала у реколонијацији Европе и да се филогеографска историја врсте *Sus scrofa* може представити у три корака: (1) повлачење јединки из Централне Европе у јужна полуострва током последњег леденог доба, (2) независна диверзификација у сваком од три полуострва, (3) реколонијација Европе од стране хаплотипова који су били на северу полуострва (у експазивном фронту). Сагледавањем свих резултата кандидат закључује да резултати ове дисертације имају значај за еколошки менаџмент и очување биодиверзитета врсте *Sus scrofa* и износи препоруку да за сваку дефинисану субпопулацију треба развити одговарајуће стратегије менаџмента у складу са њеним генетичким потенцијалом, а у циљу очувања еволуционог потенцијала сваке од њих како би се обезбедила и очувала стабилност врсте.

У оквиру поглавља ЗАКЉУЧАК, на основу добијених резултата наведени су закључци који су правилно изведени и јасно и разумљиво формулисани у складу са постављеним циљевима докторске дисертације.

Девето поглавље представља списак литературе. Укупно је цитирано 175 литературних јединица, које обухватају библиографске податке везане за биологију врсте *Sus scrofa*, популационо-генетичка истраживања ове врсте, као и радове који се баве филогенетиком и конзервационом биологијом. Највећи број литературних навода подразумева радове објављене у току последњих година у врхунским међународним часописима.

Прилог садржи листу CR1-mtDNA које су кориштене у истраживању, са детаљним подацима о земљи порекла узорака, шифрама кориштеним током лабораторијског рада, као и са подацима о извору секвенци.

Део ове докторске дисертације чини и проширени извод на енглеском језику написан на 23

VI СПИСАК НАУЧНИХ И СТРУЧНИХ РАДОВА КОЈИ СУ ОБЈАВЉЕНИ ИЛИ ПРИХВАЋЕНИ ЗА ОБЈАВЉИВАЊЕ НА ОСНОВУ РЕЗУЛТАТА ИСТРАЖИВАЊА У ОКВИРУ РАДА НА ДОКТОРСКОЈ ДИСЕРТАЦИЈИ

Таксативно навести називе радова, где и када су објављени. Прво навести најмање један рад објављен или прихваћен за објављивање у часопису са ISI листе односно са листе министарства надлежног за науку када су у питању друштвено-хуманистичке науке или радове који могу заменити овај услов до 01. јануара 2012. године. У случају радова прихваћених за објављивање, таксативно навести називе радова, где и када ће бити објављени и приложити потврду о томе.

M23 (рад у међународном часопису)

1. Djan M., Veličković N., Obreht D., Kočiš Tubić N., Marković V., Stevanović M., Beuković M. (2013) Mitochondrial DNA control region variability in wild boars from West Balkans. *Genetika* **45** (2), 515-526
2. Velickovic N., Djan M., Obreht D., Vapa Lj. (2012) Population genetic structure of wild boars in the West Balkan region. *Russian Journal of Genetics*, 48(2):859-863.
3. Velickovic N., Djan M., Obreht D., Vapa Lj. (2010) An assessment of the genetic diversity in the wild boar population from the Podunavlje-Podravlje hunting area. *Arch. Biol. Sci.* 62 (3): 807-810.

M33 (саопштење са међународног скупа штампано у целини)

1. Veličković N., Đan M., Ferreira E., Obreht D., Beuković M., Fonseca C. (2013) Estimation of genetic variability of wild boar populations in Vojvodina based on microsatellites. Proceedings of the 2nd international Symposium on Hunting "Modern aspects of sustainable management of game populations" Novi Sad, Serbia, 17-20. October, 2013. 204-208.
2. Đan M., Veličković N., Popović D., Obreht D., Beuković M., Vapa Lj. Genetic monitoring of populargame species in hunting areas of Vojvodina. International symposium on hunting „Modern aspects of sustainable management of game population“, Zemun-Belgrade, Serbia, 22.-24. June, 2012, 79-82.
3. Velickovic N., Djan M., Obreht D., Gagrcin M., Beukovic M., Vapa Lj. Genetic variability within captive wild boar population from Danube region. Proceedings of the X International Symposium "Young People and Multidisciplinary Research", Timișoara: Association for Multidisciplinary Research of the West Zone of Romania, 13-14 November 2008, 164-168.

M34 (саопштење са међународног скупа штампано у изводу)

1. Veličković N., Đan M., Ferreira E., Obreht D., Beuković M., Fonseca C. (2013) Estimation of genetic variability of wild boar populations in Vojvodina based on microsatellites. Book of abstracts of the 2nd international Symposium on Hunting "Modern aspects of sustainable management of game populations" Novi Sad, Serbia, 17-20. October, 2013. 93-94
2. Veličković N., Đan M., Ferreira E., Stergar M., Beuković M., Obreht D., Fonseca C. (2013) Population structure of wild boars in Slovenia as inferred by microsatellites. Abstract Book of the 31st IUGB Congress. Brussels, Belgium, 27-29. August 2013.
3. Velickovic N., Djan M., Obreht D., Stergar M., Vapa Lj. Characterisation of mtDNA variation in wild boars from West Balkans. Abstracts of the 9th International Symposium on Wild Boar and other Suids, Hannover: 2-6 September 2012, 27.
4. Veličković N., Đan M., Obreht D., Vapa Lj. Microsatellite analysis reveals wild boar population structure in the West Balkan region. Abstracts of the II Symposium of Population and Evolutionary Genetics PEG2012. May 09-12, 2012. Belgrade, Serbia, 32.
5. Veličković N., Djan M., Obreht D., Vapa Lj. Population genetic structure of wild boars in the West Balkan region. Abstracts of the XXXth International Union of Game Biologist Congress and Perdix VIII. Barcelona: 5-9. September 2011, 175.
6. Veličković N., Djan M., Obreht D., Vapa Lj. Genetic structure of wild boar from the South Pannonian Region. Abstracts of the 8th International Symposium on Wild Boar and Other Suids,

York: 1-4 September 2010, 64-65.

7. Veličković N., Djan M., Obreht D., Zorić M., Vapa Lj. (2009) Microsatellite analysis of genetic diversity in wild boar. Abstracts of the IV Congress of the Serbian Genetics Society, 1-5 June 2009, 11-11.
8. Veličković N., Djan M., Obreht D., Gagrčin M., Beuković M., Vapa Lj. (2008) Genetic variability within captive wild boar population from Danube region. Abstracts of the X International Symposium "Young People and Multidisciplinary Research", Timișoara: Association for Multidisciplinary Research of the West Zone of Romania, 13-14 November 2008, 27- 27.
9. Djan M., Veličković N., Obreht D., Gagrčin M., Beuković M., Vapa Lj. (2008), Microsatellite variability within captive wild boar population. Abstracts of the 7th International Symposium on Wild Boar (*Sus scrofa*) and on Sub-order suiformes, Sopron: University of West Hungary, 27-31 August 2008, 77- 77.

M63 (саопштење са скупа националног значаја штампано у целини)

1. Djan M., Veličković N., Obreht D., Vapa Lj. (2011) Genetic diversity of wild boars in hunting areas in Vojvodina. Proceedings of the II Symposium of Biologists Republic of Srpska, Banja Luka, 67-71.

M64 (саопштење са скупа националног значаја штампано у изводу)

1. Veličković N., Djan M., Obreht D., Vapa Lj. Microsatellite allelic variability of wild boar populations from hunting areas in Vojvodina. Abstracts of IV Symposium of the section of the breeding of organisms of the Serbian Genetic Society, Kladovo: 2-6. October 2011, 108.
2. Djan M., Veličković N., Obreht D., Vapa Lj. Genetic diversity of wild boars in hunting areas in Vojvodina. Abstracts of the II Symposium of Biologists Republic of Srpska, Banja Luka: 4-6 November 2010, 39-40.

VII ЗАКЉУЧЦИ ОДНОСНО РЕЗУЛТАТИ ИСТРАЖИВАЊА

Истраживање генетичке структуре популација дивље свиње применом микросателита и мтДНК као молекуларних маркера, уз одређивање степена генетичке дивергенције у популацијама дивље свиње у Европи, као и филогенетичких и филогеографских односа у популацијама дивље свиње испунило је све постављене циљеве.

Све радне хипотезе овог истраживања су у потпуности потврђене и показано је да:

- одабрани микросателитски локуси су применљиви молекуларни маркери у анализама структуре и генетичког диверзитета популација дивље свиње и испољавају адекватан ниво полиморфности;
- хиперваријабилни домен 1 (CR-1) мтДНК је одговарајући генетички маркер у популационо генетичким, филогенетичким и филогеографским студијама врсте *Sus scrofa*;
- присутан је висок генетички диверзитет дивљих свиња на Балкану, где је највећи у јужним деловима и смањује се ка северу што је потврђено анализом мтДНК;
- постоји структурираност популација дивље свиње на Балкану и у Европи што је потврђено анализом микросателита и CR1-mtDNK, при чему је на основу микросателита дефинисано 13 субпопулација дивље свиње у Европи, а на Балкану је утврђено постојање 4 субпопулације анализом микросателита, односно 2 на основу анализе секвенци CR1-mtDNK;
- на Балкану постоје јединствени алели и мтДНК хаплотипови који до данас нису регистровани у популацијама дивљих свиња у Европи;
- показано је да су сва три јужна полуострва Европе (Балканско, Иберијско и Апенинско) учествовала у реколонизацији Европе и да се филогеографска историја врсте *Sus scrofa* може представити у три корака: (1) повлачење јединки из Централне Европе у јужна полуострва током последњег леденог доба, (2) независна диверзификација у сваком од три полуострва, (3) реколонизација Европе од стране хаплотипова који су били на северу полуострва (у експазивном фронту);
- дивље свиње у Европи показују сигнал демографске експанзије;
- резултати ове дисертације имају значај за еколошки менаџмент и очување биодиверзитета врсте *Sus scrofa*.

VIII ОЦЕНА НАЧИНА ПРИКАЗА И ТУМАЧЕЊА РЕЗУЛТАТА ИСТРАЖИВАЊА

Експлицитно навести позитивну или негативну оцену начина приказа и тумачења резултата истраживања.

Кандидат је веома рационално приступио приказу, обради и анализи великог броја резултата које је успешно систематизовао у логичке целине. Резултати истраживања су прегледно и аналитички представљени, статистички адекватно обрађени, детаљно продискутовани, објективно и критички упоређивани са резултатима других аутора. Прегледности резултата значајно доприносе многобројни графикони и табеле. На основу детаљне дискусије изведени су закључци који дају одговоре на постављене циљеве докторске дисертације.

IX КОНАЧНА ОЦЕНА ДОКТОРСКЕ ДИСЕРТАЦИЈЕ:

Експлицитно навести да ли дисертација јесте или није написана у складу са наведеним образложењем, као и да ли она садржи или не садржи све битне елементе. Дати јасне, прецизне и концизне одговоре на 3. и 4. питање:

1. Да ли је дисертација написана у складу са образложењем наведеним у пријави теме?

Комисија оцењује да је докторска дисертација написана у складу са образложењем наведеним у пријави теме.

2. Да ли дисертација садржи све битне елементе?

Дисертација садржи све битне елементе као што су: дефинисање теме, циљева и значаја истраживања, преглед постојећих истраживања, приказ методологије рада, јасан и систематичан приказ резултата и њихову адекватну дискусију. Закључци су правилно изведени на основу добијених резултата. У списку литературе налазе се све литературне јединице које су цитиране у тексту дисертације.

3. По чему је дисертација оригиналан допринос науци

Комисија сматра да ова докторска дисертација представља оригиналан научни допринос у области популационе генетике дивње свиње, која представља једну од најважнијих врста ловне дивљачи у Србији. Посебан акценат Комисија ставља на свеобухватан приступ проблему примене нуклеарних маркера – микросателита који су омогућили не само да се дефинише генетички диверзитет популација са подручја централног Балкана, него да се стекне и увид у варијабилност популација пореклом са Иберијског и Апенинског полуострва, која заједно са Балканом представљају главне центре биодиверзитета Европе. Поред изузетног доприноса фундаменталној науци, резултати ове докторске дисертације имају практичан значај на пољу развоја стратегија еколошког менаџмента, с обзиром да је познато да је познавање генетичког потенцијала врсте главни предуслов за очување стабилности, како врсте у целини, тако и јединствених карактеристика локалних популација.

4. Недостаци дисертације и њихов утицај на резултат истраживања

Комисија је мишљења да ова докторска дисертација нема недостатака, постављени циљеви су испуњени.

X ПРЕДЛОГ:

На основу укупне оцене дисертације, комисија предлаже:

Комисија предлаже да се докторска дисертација под насловом „Генетичка анализа популационе структуре и филогеографија дивље свиње (*Sus scrofa* Linnaeus, 1758)“ прихвати и да се кандидату **Невени Величковић** одобри одбрана.

ПОТПИСИ ЧЛАНОВА КОМИСИЈЕ

Проф. др Драгана Обрехт, председник
Природно-математички факултет, Нови Сад

Проф. др Михајла Ђан, ментор
Природно-математички факултет, Нови Сад

Проф. др Милош Беуковић, члан
Пољопривредни факултет, Нови Сад

Проф. др Карлос Фонсека, члан
Департман за Биологију, Авеиро,
Португалија