

НАСТАВНО-НАУЧНОМ ВЕЋУ УНИВЕРЗИТЕТА У БЕОГРАДУ - БИОЛОШКОГ ФАКУЛТЕТА

На III редовној седници Наставно-научног већа Универзитета у Београду - Биолошког факултета, одржаној 09. децембра 2024. године, на основу молбе ментора др Душана Кецкаревића, ванредног професора, Универзитета у Београду - Биолошког факултета, одређена је Комисија за преглед и оцену докторске дисертације Милице Љ. Михајловић Срејић, асистента, Универзитета у Београду - Биолошког факултета, под насловом: „**Популационо-специфични маркери који дефинишу рељеф хаплогрупе I код Срба са територије Балкана**“, у саставу: др Милица Кецкаревић Марковић, доцент, Универзитет у Београду - Биолошки факултет, др Михаило Јелић, ванредни професор, Универзитет у Београду - Биолошки факултет, др Слободан Давидовић, виши 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 Универзитета у Београду - Биолошког факултета подноси следећи

ИЗВЕШТАЈ

Општи подаци о докторској дисертацији

Докторска дисертација Милице Љ. Михајловић Срејић је оригинално научно истраживање које је урађено у Центру за форензичку и примењену молекуларну генетику, Универзитета у Београду - Биолошког факултета.

Докторска дисертација Милице Љ. Михајловић Срејић под насловом „Популационо-специфични маркери који дефинишу рељеф хаплогрупе I код Срба са територије Балкана“ обухвата 158 страна текста са 23 слике, 52 табеле и 13 дијаграма. Текст се састоји од 8 поглавља и то: Увод (25 страна), Циљеви рада (1 страна), Материјал и методе (24 стране), Резултати (32 стране), Дискусија (17 страна), Закључци (3 стране), Литература (15) и Прилози (41 страна).

Докторска дисертација садржи и 13 уводних страна и то: насловну страну на српском и енглеском језику, страну са подацима о ментору и члановима комисије, захвалницу, сажетак на српском језику (3 стране) и енглеском језику (3 стране) и 3 стране садржаја. На крају дисертације приложена су следећа документа: Биографија аутора, Изјава о ауторству, Изјава о истоветности штампане и електронске верзије докторског рада и Изјава о коришћењу (6 страна).

Анализа докторске дисертације

Поглавље **Увод** подељено је на шест потпоглавља, и у њему је дат приказ релевантне литературе која је непосредно везана за предмет докторске дисертације. У оквиру првог поглавља кратко је описана историја људских популација на Балканском

полуострву, са акцентом на миграцију Словена ка региону Балкана које су трајале од VI до VII века. Поред тога, детаљно су описане миграције Срба са територија Старе Херцеговине и Старе Србије, према територији централне Србије и Војводине, које су се догодиле у периоду од XV до XVIII века. У наредном поглављу представљена је структура и организација Y хромозома, са посебним освртом на одсуство рекомбинације на већем делу Y хромозома и специфичном обрасцу наслеђивања. Треће потпоглавље описује анализу Y хромозома у форензичкој генетици - у случајевима сексуалних деликата, утврђивању спорног очинства као и у одређивању биогеографског порекла особа. У наредна два поглавља детаљно је објашњена анализа кратких тандемских поновака (eng. *Short Tandem Repeats, STR*) и полиморфизама појединачних нуклеотида (eng. *Single-Nucleotide Polymorphism, SNP*), као и њихова примена у форензичкој генетици. Последње поглавље описује 20 основних хаплогрупа, са посебним освртом на подхаплогрупе које су специфичне за европске популације. Поред тога, у овом поглављу, детаљно су описане хаплогрупе I, E и R као и њихове подгране које су се према претходним истраживањима показале као најучесталије у Европи.

У оквиру поглавља **Циљеви рада** кандидаткиња је нагласила да је предмет ове докторске дисертације био испитивање варијабилности Y хромозома код популације Срба са простора Старе Херцеговине, Косова и Метохије и централне Србије са Војводином са популационо генетичког, форензичког и филогенетског аспекта. У складу са тим постављено је 8 основних циљева овог рада. Први задатак подразумева анализу степена генетичке варијабилности Y хромозома код популације Срба са простора Старе Херцеговине, Косова и Метохије и централне Србије са Војводином. У оквиру два следећа задатка подразумевано је утврђивање спектра и учесталости Y хаплогрупа и одређивање генетичке структуре, диверзитета и учесталости хаплогрупе I и њених низводних подграна код испитаника са простора Старе Херцеговине, Косова и Метохије и централне Србије са Војводином. Четврти задатак подразумевао је утврђивање генетичке диференцијације претходно наведене три популације као и њихових односа са осталим европским и светским популацијама. Пети задатак обухватао је утврђивање генеалогских односа хаплотипова уочених у оквиру подхаплогрупа I-P37.2, I-PH908, I-FT14506 и I-FT16449 код претходно наведених популација. Задаци шест, седам и осам подразумевали су утврђивање доприноса миграција са територија Старе Херцеговине и Косова и Метохије генетичкој структури данашње српске популације, формирање базе Y-STR хаплотипова за популацију Срба са простора Старе Херцеговине, Косова и Метохије и централне Србије са Војводином и пружање информација о биогеографској дистрибуцији низводних подграна хаплогрупе I.

Поглавље **Материјал и методе** подељено је на пет потпоглавља у којима су наведене све информације неопходне за репродуковање експерименталних процедура које су коришћене у овој докторској дисертацији. Најпре је описан број испитаника анализиран у овој тези и формирање одговарајућих група у односу на изјашњено порекло испитаника. Формиране су три групе: Срби који потичу са територије Старе Херцеговине (400 испитаника), Срби који потичу са територије Косова и Метохије (400 испитаника) и Срби који у тренутку узорковања живе на територији централне Србије и Војводине (400 испитаника). Даље је описана метода изолације и квантификације геномске ДНК. Након тога описана је анализа Y-STR локуса користећи PowerPlex® Y23 комплет реагенса (*Promega, САД*) и капиларну електрофорезу добијених фрагмената на генетичком анализатору (*3500 Genetic Analyzer, Applied Biosystems, САД*) и анализу резултата

коришћењем софтвера *GeneMapperID-X* (*Applied Biosystems*, САД). Даље је објашњена анализа *Y-SNP* локуса у укупно шест мултиплекс *PCR* (енг. *Polymerase Chain Reaction*) реакција у оквиру којих је анализирано укупно 46 *SNP* маркера користећи следеће реагенсе: *Multiplex PCR Kit* (*Qiagen*®, Немачка), *ExoSAP-IT™ PCR Product Cleanup Reagent* (енг. *Exonuclease I and Shrimp Alkaline Phosphatase, ExoSAP-IT*), *ABI PRISM® SNaPshot™ Multiplex Kit* (*ThermoFisher Scientific*, САД) и рекомбиновани ензим алкална фосфатаза шкампа (енг. *recombinant Shrimp alkaline phosphatase, rSAP*). Добијени фрагменти анализирани су на генетичком анализатору (*3500 Genetic Analyzer, Applied Biosystems*, САД) и интерпретирани коришћењем софтвера *GeneMapperID-X* (*Applied Biosystems*, САД). Након тога урађена је биоинформатичка обрада резултата која је подразумевала одређивање параметара генетичке разноврсности, предикцију хаплогрупа користећи програм *NevGen*, одређивање генетичке дистанце између парова популација на основу F_{ST} и R_{ST} вредности добијених у програму *Arlequin* и филогеографску анализу у оквиру хаплогрупа *I-P37.2*, *I-PH908*, *I-FT14506* и *I-FT16449* у програму *Network 4.6.0.0* и *Network Publisher* (*Fluxus Technology*).

У поглављу **Резултати** кандидаткиња је јасно, кроз четири целине, користећи табеле, слике и дијаграме, представила резултате докторске дисертације. У првој целини представљени су параметри генетичке разноврсности испитиваних популација. Ова целина је подељена на три потпоглавља: „Учесталости алела 23 *Y-STR* локуса“ (у оквиру кога су наведене учесталости алела за испитанике са територија Старе Херцеговине, Косова и Метохије и централне Србије са Војводином), „Анализа генског диверзитета“ (у оквиру кога су наведене вредности генског диверзитета за испитанике са територија Старе Херцеговине, Косова и Метохије и централне Србије са Војводином и „Учесталост хаплотипова“ (у оквиру које су наведене учесталости хаплотипова за испитанике са територија Старе Херцеговине, Косова и Метохије и централне Србије са Војводином, као и учесталости хаплотипова за испитанике са претходно наведене три територије у оквиру хаплогрупа *I-P37.2* и *I-PH908*). Као најполиморфнији локус код испитаника из све три популације детектован је локус *DYS481*. Највиша вредност генског диверзитета уочена је на локусу *DYS481* код испитаника из Старе Херцеговине и централне Србије са Војводином, док је код испитаника са Косова и Метохије то био локус *DYS385ab*. Висок ниво хаплотипског диверзитета детектован је у свим испитиваним популацијама, као и у оквиру хаплогрупа *I-P37.2* и *I-PH908*. Након тога, у следећој целини, описан је спектар и учесталост (под)хаплогрупа у анализираним популацијама. Ова целина подељена је на пет потпоглавља: „Расподела основних хаплогрупа у анализираним популацијама“, „Расподела подхаплогрупа унутар хаплогрупе *I-M170*“, „Расподела различитих *Y* хромозом линија унутар подхаплогрупе *I-P37.2*“, „Расподела различитих *Y* хромозом линија унутар подхаплогрупе *I-PH908*“ и „Поређење резултата *STR* анализе са резултатима *SNP* анализе“. Резултати *SNP* анализе показали су да је најучесталија хаплогрупа код све три популације *I-M170*, са учесталошћу од 52,8% у Старој Херцеговини до 39,5% на Косову и Метохији. Остале хаплогрупе које су биле заступљене са значајнијим учесталостима унутар испитиваних популација биле су *R-M198*, *E-P170* и *J-P209*. Као најучесталија подхаплогрупа у оквиру хаплогрупе *I-M170* детектована је подхаплогрупа *I-P37.2*, присутна у распону учесталости од 86,3% у Старој Херцеговини до 78,9% у централној Србији са Војводином. Резултати *SNP* анализе унутра ове подхаплогрупе показали су да је најучесталија подхаплогрупа код све три групе популација *I-PH908*. Ова подхаплогрупа уочена је у популацији централне Србије са Војводином са учесталошћу од 79,2%, у

популацији Старе Херцеговине са учесталошћу од 75,3% и у популацији Косова и Метохије са учесталошћу од 62,5%. Најучесталија подхаплогрупа, у оквиру подхаплогрупе *I-PH908*, у популацији Старе Херцеговине била је подхаплогрупа *I-FT16449* (43%), у популацији Косова и Метохије подхаплогрупа *I-FT14506* (46.3%), док је код испитаника са територије централне Србије са Војводином потврђена нешто равномернија расподела ове две хаплогрупе, *FT14506* (40.2%) и *I-FT16449* (34.4%). Програм *NevGen* је успешно предиктовао (под)хаплогрупу код 1188 испитаника. На основу овог типа анализе подхаплогрупа *I2a1b3-L621* је била најучесталија линија код свих група испитаника (45% у Старој Херцеговини, 32% на Косову и Метохији и 38% у централној Србији са Војводином). Остале подхаплогрупе које су уочене са значајнијим улесталостима унутар испитиваних популација су *R1a*, *E1b1b*, *II* и *R1b*. Након тога је приказна целина „Генетичке дистанце између парова популација,“ у оквиру које се налазе потпоглавља: „Генетичке дистанце између парова популација у оквиру подхаплогрупе *I-P37.2*“ и „Генетичке дистанце између парова популација у оквиру подхаплогрупе *I-PH908*“. Највиша F_{ST} вредност уочена је између популација пореклом из Старе Херцеговине и са Косова и Метохије. Између популација из Старе Херцеговине и централне Србије са Војводином констатована је најнижа F_{ST} вредност, која након Бонферонијеве корекције губи статистичку значајност. Сличан образац уочен је и код анализе R_{ST} генетичке дистанце. Најниже R_{ST} вредности уочене су између овде анализираних популација и популација суседних земаља, посебно Хрватске и Босне и Херцеговине. Најниже F_{ST} вредности, у оквиру хаплогрупе *I-P37.2*, уочене су између овде анализираних популација и суседних земаља, посебно Хрватске, Босне и Херцеговине, Македоније и Црне Горе. У оквиру хаплогрупе *I-PH908* највиша F_{ST} вредност уочена је између популација Старе Херцеговине и Косова и Метохије, док је између популација Старе Херцеговине и централне Србије са Војводином детектована најнижа F_{ST} вредност. Даље је приказана целина „Филогеографска анализа у оквиру подхаплогрупе *I-P37.2*“ у оквиру које се налази и потпоглавље „Филогеографска анализа у оквиру подхаплогрупа *I-PH908*, *I-FT14506* и *I-FT16449*“. Висока разноврсност хаплотипова унутар подхаплогрупе *I-P37.2* огледала се у широкој дистрибуцији хаплотипских кластера. У оквиру првог звездоликог кластера уочава се допринос свих анализираних популација у овом типу анализе, док се у другом звездоликом кластеру уочава допринос јужнословенских популација (три популација анализираних у овој студији, популације Босне и Херцеговине, Словеније, Хрватске, Црне Горе и Северне Македоније). Висока разноврсност хаплотипова унутар подхаплогрупе *I-PH908* такође се огледала у широкој дистрибуцији хаплотипских кластера. Поред тога, у већем броју кругова на хаплотипској мрежи уочава се преклапање између узорака из Старе Херцеговине и Србије, што је примећено и у статистици дељења хаплотипова у оквиру ове подхаплогрупе, где је 9 хаплотипова дељено између испитаника из Старе Херцеговине и Србије, 3 хаплотипа између испитаника са Косова и Метохије и из централне Србије са Војводином, док је само један хаплотип дељен између испитаника из Старе Херцеговине и са Косова и Метохије. У оквиру хаплотипских мрежа креираних за подхаплогрупе *I-FT14506* и *I-FT16449* уочено је присуство звездоликих кластера у којима је уочен допринос све три анализираних популације. У случају хаплогрупе *I-FT14506* уочено је више дељених хаплотипова између испитаника из централне Србије са Војводином и са Косова и Метохије, док је за хаплогрупу *I-FT16449* примећено више дељења хаплотипова између узорака из централне Србије са Војводином и Старе Херцеговине.

Поглавље **Дискусија** подељено је на четири потпоглавља. У оквиру првог потпоглавља кандидаткиња пореди добијене параметре генетичке разноврсности за анализиране популације са истим параметрима који су приказани у литератури, са акцентом на литератури у којој је већ анализиран узорак српске популације и литератури у којој су анализиране популације суседних земаља. У следећем потпоглављу предочена је детаљна расподела хаплогрупа и подхаплогрупа детектованих у анализираним популацијама и поређење учесталости детектованих (под)хаплогрупа са доступним подацима из литературе. Поред тога, у овом делу, представљена је детаљна анализа подхаплогрупа у оквиру подхаплогрупе *I-P37.2*, са посебном освртом на подхаплогрупу *I-PH908*. У наредном поглављу, кандидаткиња објашњава степен генетичке диференцијације и филогеографску анализу претходно наведе три популације и тумачи добијене вредности у односу на постојеће податке у литератури. У последњем потпоглављу, кандидаткиња истиче апликативни значај добијених резултата.

У поглављу **Закључци** сумирани су сви резултати докторске дисертације, у складу са постављеним циљевима. Код све три анализиране популације уочен је висок ниво хаплотипског диверзитета и дискриминативног капацитета. Као најучесталија хаплогрупа у свим испитиваним популацијама детектована је хаплогрупа *I-M170*, у оквиру које се као најучесталија издваја подхаплогрупа *I-P37.2*. Даље анализе *SNP* маркера, у оквиру ове подхаплогрупе, показале су да је најучесталија подхаплогрупа у свим испитиваним популацијама *I-PH908*, у оквиру које се као најучесталија издваја подхаплогрупа *I-FT14506* у популацији Косова и Метохије, док је подхаплогрупа *I-FT16449* показала највећу учесталост у популацији Старе Херцеговине. У популацији централне Србије са Војводином потврђена је нешто равномернија расподела ових подхаплогрупа. Популације Старе Херцеговине, Косова и Метохије и централне Србије са Војводином нису значајно генетички диференциране у односу на остале јужнословенске популације. Процена генетичке диференцијације између парова популација показала је ниску стопу диференцијације између три испитиване популације, при чему је најнижи ниво генетичке диференцијације потврђен између популација Старе Херцеговине и централне Србије са Војводином, а највиши између популација Старе Херцеговине и Косова и Метохије. Филогеографска анализа унутар подхаплогрупе *I-P37.2* огледала се у широкој дистрибуцији хаплотипских кластера као и у присуству звездоликих кластера у којима се јасно уочава допринос три популације анализиране у овој студији и осталих јужнословенских популација. Најнижа стопа генетичке диференцијације између популација Старе Херцеговине и централне Србије са Војводином, у оквиру подхаплогрупе *I-PH908*, потврђена је и у филогеографској анализи и у статистици дељења хаплотипова унутар ове подхаплогрупе. На основу ових резултата, може се истаћи да су миграције са територија Старе Херцеговине и Косова и Метохије, пружиле велики допринос генетичкој структури данашње српске популације, што је у складу са бројним историјским чињеницама, при чему се уочава нешто већи утицај миграција становништва са простора Старе Херцеговине на територију централне Србије са Војводином, у односу на миграције које су долазиле са простора Косова и Метохије. У овој студији формирана је база од 1200 хаплотипова која може бити коришћена у наредним популационо-генетичким студијама. Узимајући у обзир чињеницу да је ово прва студија у којој је спроведена детаљна филогенетска анализа подхаплогрупе *I-P37.2*, резултати представљени у овом истраживању пружају значајне информације о биогеографској

дистрибуцији следећих подхаплогрупа I-Z17855, I-Y4460, I-PH908, I-Y5596, I -Y4882, I-FT14506, I-FT16449 и I-A5913.

Поглавље **Литература** садржи 105 библиографских јединица. Литературни подаци су адекватно и на одговарајућим местима цитирани у тексту ове докторске дисертације.

Поглавље **Прилози** садржи 19 табела. У прве две табеле неведене су популације коришћене за процењивање степена генетичке диференцијације између парова популација. У наредних 12 табела приказане су концентрације *PCR* прајмера у прајмер миксу и *SNaPshot* реакцијама за одговарајуће мултиплекс реакције. Следеће две табеле приказале су R_{ST} и F_{ST} вредности између парова популација. У последње три табеле приказани су хаплотипови испитаника из Старе Херцеговине, Косова и Метохије и централне Србије са Војводином.

Радови и конгресна саопштења из докторске дисертације

Б1. Радови у часописима међународног значаја

1. **Mihajlovic M**, Tanasic V, Markovic MK, Kecmanovic M, Keckarevic D. **Distribution of Y-chromosome haplogroups in Serbian population groups originating from historically and geographically significant distinct parts of the Balkan Peninsula.** *Forensic Sci Int Genet.* 2022 Aug 17;61:102767. doi: 10.1016/j.fsigen.2022.102767. Epub ahead of print. PMID: 36037736. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36037736/> (M21a, IF₂₀₂₁=4.978, Genetics & Heredity)
2. **Srejjic MM**, Tanasic V, Markovic MK, Kecmanovic M, Keckarevic D. **Phylogeography of Y-chromosome haplogroup I-P37.2 in Serbian population groups originating from distinct parts of the Balkan Peninsula.** *Forensic Sci Int Genet.* 2025;74:103152. doi:10.1016/j.fsigen.2024.103152 <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/39393175/> (M21a, IF₂₀₂₁=4.978, Genetics & Heredity)

Б2. Конгресна саопштења на скуповима међународног значаја

1. **Mihajlović M**, Tanasić V, Keckarević Marković M, Kecmanović M, Keckarević D. **Y-chromosomal landscape in Serbian population groups originating from the Balkan Peninsula.** Abstract Book: p.84 12th Haploid Markers; Budapest, Hungary, May 2023. **M34**
2. **Srejjic MM**, Tanasić V, Keckarević Marković M, Kecmanović M, Keckarević D. **Phylogeography of Y-chromosome haplogroup I-P37.2 in Serbian population groups originating from the Balkan Peninsula.** Abstract Book: p.401 30th Congress of the International Society for Forensic Genetics - ISFG 2024; Santiago de Compostela, Spain, September 2024. **M34**

Б3. Конгресна саопштења на скуповима домаћег значаја

1. **Srejjic MM**, Tanasić V, Keckarević Marković M, Kecmanović M, Keckarević D. **Y-chromosomal landscape in Serbian population groups originating from historically and geographically significant distinct parts of the Balkan Peninsula.** Abstract Book: p.33 VII Congress of the Serbian Genetic Society; Zlatibor, Srbija, October 2024. **M64**

Провера оригиналности докторске дисертације

Докторска дисертација кандидаткиње Милице Љ. Михајловић Срејић, Б3002/2017 послата је дана 02. децембра 2024. године на софтверску проверу оригиналности. Резултати електронске провере ове докторске дисертације показују да индекс подударности износи 13%. Увидом у Извештај утврђено је подударање са 105 сумарних извора. Детаљном анализом добијеног Извештаја и поклапања по сегментима, уочено је да је подударање са једним извором било 3%, са другим извором 2%, са трећим извором 1% и у свим преосталим случајевима мање од 1%. Наведена преклапања краћих делова појединих различитих реченица нису повезана и не чине смислену целину. Поклапања су преваходно потицала од афилијације ментора и чланова комисије, присутних термина на енглеском језику, општих и широко коришћених синтагми, скраћеница и података која се тичу формата дисертације и методолошких протокола.

Када се све изнето узме у обзир, а у складу са чланом 8., став 2, Правилника о поступку провере оригиналности докторских дисертација, извештај указује на оригиналност докторске дисертације кандидаткиње Милице Љ. Михајловић Срејић, под насловом „**Популационо-специфични маркери који дефинишу рељеф хаплогрупе I код Срба са територије Балкана**“, те се прописани поступак припреме за њену одбрану може наставити.

Мишљење и предлог Комисије

Докторска дисертација кандидаткиње Милице Љ. Михајловић Срејић, под насловом „Популационо-специфични маркери који дефинишу рељеф хаплогрупе I код Срба са територије Балкана“ представља оригинални научни рад.

Кандидаткиња је током концептуализације, израде и писања докторске дисертације показала критички и аналитички приступ научној проблематици, као и способност за самосталан научно-истраживачки рад, успешно остварујући циљеве и детаљно анализирајући резултате, уз доношење адекватних закључака. У оквиру ове докторске дисертације, по први пут су, поред испитаника са територије садашње Србије, анализирани и испитаници пореклом са територија које сматрају исходиштем миграција Срба у новијем добу - Старе Херцеговине и Старе Србије. Сходно томе, анализом степена генетичке варијабилности Y хромозома, утврђивањем спектра и учесталости Y хаплогрупа као и бројним упоредним анализама тестираних популација у оквиру овог истраживања, омогућен је увид у комплексне демографске процесе који су се одигравали на овом подручју Балкана и довели до генезе савременог генофонда Y хромозома. Узимајући у обзир да је ово прва студија у којој је спроведена детаљна анализа хаплогрупе I-P37.2, резултати представљени у овој докторској дисертацији пружају значајне информације о биогеографској дистрибуцији низводних подграна у оквиру ове подхаплогрупе у овом делу Балкана. Два рада са резултатима из ове докторске дисертације, у којима је Милица Михајловић Срејић први аутор, публикована су у врхунском међународном часопису изузетних вредности и презентовани на два конгреса међународног значаја и једном конгресу националног значаја. Поред тога, У овој студији формирана је база од 1200 хаплотипова која може бити коришћена у наредним популационо-генетичким студијама.

На основу свега горе наведеног Комисија предлаже Наставно-научном већу Биолошког факултета Универзитета у Београду да прихвати позитивну оцену докторске дисертације кандидаткиње Милице Љ. Михајловић Срејић, под насловом „Популационо-специфични маркери који дефинишу рељеф хаплогрупе I код Срба са територије Балкана“ и тиме омогући кандидаткињи јавну одбрану докторске дисертације.

КОМИСИЈА:

У Београду, 10. 12. 2024. године

др Милица Кецкаревић Марковић, доцент,
Универзитет у Београду - Биолошки факултет

др Михаило Јелић, ванредни професор,
Универзитет у Београду - Биолошки факултет

др Слободан Давидовић, виши научни сарадник,
Универзитет у Београду - Институт за биолошка
истраживања “Синиша Станковић” - Институт од
националног значаја за Републику Србију