

Биолошки факултет
Број захтева:50/132-1
Датум: 14. 6. 2024.

УНИВЕРЗИТЕТ У БЕОГРАДУ
ВЕЋУ НАУЧНИХ ОБЛАСТИ ПРИРОДНИХ НАУКА

ЗАХТЕВ

за давање сагласности на одлуку о прихватању теме докторске дисертације и о одређивању ментора

Молимо да, сходно чл. 48 ст. 5 тач. 3) Статута Универзитета у Београду („Гласник Универзитета“ бр. 201/2018, 207/2019, 213/2020, 214/2020, 217/2020, 230/21, 232/22, 233/22 и 236/22), дате сагласност на одлуку о прихватању теме докторске дисертације:

„Студија асоцијације геномског профила са тежином клиничке слике и популациона фармакогеномска анализа маркера повезаних са терапијским одговором код пацијената оболелих од COVID-19”

НАУЧНА ОБЛАСТ: Биолошке науке.

ПОДАЦИ О КАНДИДАТУ:

1. Име, име једног родитеља и презиме кандидата:

Марко Р. Зечевић

2. Претходно образовање (назив и седиште факултета, студијски програм):

Универзитет у Београду – Електротехнички факултет.

3. Година дипломирања: 2014.

4. Година уписа на докторске студије: 2020/2021.

Универзитет у Београду - Биолошки факултет

5. Назив студијског програма докторских студија: Молекуларна биологија, модул: Молекуларна генетика и геномика.

6. Датум подношења пријаве теме докторске дисертације: 29. 4. 2024.

ПОДАЦИ О МЕНТОРУ

А:

Име и презиме ментора: **др Биљана Станковић,**

Звање: виши научни сарадник, Универзитет у Београду - Институт за молекуларну генетику и генетичко инжењерство.

Списак радова који квалификују ментора за вођење докторске дисертације:

1. Kotur N, **Stankovic B**, Pavlovic S. Micronutrients, genetics and COVID-19. *Current Opinion in Clinical Nutrition & Metabolic Care* 2023. doi: 10.1097/MCO.0000000000000942.
2. Kotur N, Skakic A, Klaassen K, Gasic V, Zukic B, Skodric-Trifunovic V, Stjepanovic M, Zivkovic Z, Ostojic O, Stevanovic G, Lavadinovic L, Pavlovic S, **Stankovic B**. Association of Vitamin D, Zinc and Selenium Related Genetic Variants With COVID-19 Disease Severity. *Frontiers in Nutrition* 2021. doi: 10.3389/fnut.2021.689419
3. **Stanković B**, Kotur N, Gašić V, Klaassen K, Ristivojević B, Stojiljković M, Pavlović S, Zukić B. Pharmacogenomics landscape of COVID-19 therapy response in Serbian population and comparison with worldwide populations. *Journal of Medical Biochemistry* 2020. doi: 10.5937/jomb0-26725.
4. Klaassen K, **Stankovic B**, Zukic B, Kotur N, Gasic V, Pavlovic S, Stojiljkovic M. Functional prediction and comparative population analysis of variants in genes for proteases and innate immunity related to SARS-CoV-2 infection. *Infection, Genetics and Evolution* 2020. doi: 10.1016/j.meegid.2020.104498.
5. **Stankovic B**, Dragasevic S, Klaassen K, Kotur N, Srzentic Drazilov S, Zukic B, Sokic Milutinovic A, Milovanovic T, Lukic S, Popovic D, Pavlovic S, Nikcevic G. Exploring inflammatory and apoptotic signatures in distinct Crohn's disease phenotypes: Way towards molecular stratification of patients and targeted therapy. *Pathology - Research and Practice* 2020. doi: 10.1016/j.prp.2020.152945.

Б:

Име и презиме ментора: **др Јован Пешовић,**

Звање: доцент, Универзитет у Београду - Биолошки факултет.

Списак радова који квалификују ментора за вођење докторске дисертације:

1. Patiño-Guillén G, **Pešović J**, Panić M, Savić-Pavićević D, Bošković F, Keyser UF. Single-molecule RNA sizing enables quantitative analysis of alternative transcription termination. *Nat Commun.* 2024; 15(1):1699. doi: 10.1038/s41467-024-45968-8.

2. Djordjevic I, Garai N, Peric S, Karanovic J, **Pesovic J**, Brkusanin M, Lavrnica D, Apostolski S, Savic-Pavicevic D, Basta I. Association between Cytotoxic T-Lymphocyte-Associated Antigen 4 (CTLA-4) Locus and Early-Onset Anti-acetylcholine Receptor-Positive Myasthenia Gravis in Serbian Patients. *Mol Neurobiol*. 2024. doi: 10.1007/s12035-024-04183-8.
3. Kosac A, **Pesovic J**, Radenkovic L, Brkusanin M, Radovanovic N, Djuricic M, Radivojevic D, Mladenovic J, Ostojic S, Kovacevic G, Kravljanac R, Savic Pavicevic D, Milic Rasic V. *LTBP4*, *SPP1*, and *CD40* Variants: Genetic Modifiers of Duchenne Muscular Dystrophy Analyzed in Serbian Patients. *Genes (Basel)*. 2022; 13(8):1385. doi: 10.3390/genes13081385.
4. **Pešović J**, Perić S, Brkušaniin M, Brajušković G, Rakočević-Stojanović V, Savić-Pavićević D. Repeat Interruptions Modify Age at Onset in Myotonic Dystrophy Type 1 by Stabilizing *DMPK* Expansions in Somatic Cells. *Front Genet*. 2018; 9:601. doi: 10.3389/fgene.2018.00601.
5. **Pešović J**, Perić S, Brkušaniin M, Brajušković G, Rakočević-Stojanović V, Savić-Pavićević D. Molecular genetic and clinical characterization of myotonic dystrophy type 1 patients carrying variant repeats within *DMPK* expansions. *Neurogenetics*. 2017; 18(4):207-218. doi: 10.1007/s10048-017-0523-7.

Обавештамо вас да је Наставно-научно веће Универзитета у Београду-Биолошког факултета, на седници одржаној 14. 6. 2024. год. размотрило предложену тему и закључило да је тема подобна за израду докторске дисертације јер садржи оригиналну идеју и да је од значаја за развој науке, примену њених резултата, односно развој научне мисли уопште.

Декан Биолошког факултета

Проф. др Љубиша Станисављевић

Прилог:

1. Предлог теме докторске дисертације са образложењем.
2. Акт надлежног тела факултета о подобности теме за израду докторске дисертације.
3. Електронска верзија
4. Потврда Етичке комисије



УНИВЕРЗИТЕТ У БЕОГРАДУ
БИОЛОШКИ ФАКУЛТЕТ

Студентски трг 16
11000 БЕОГРАД
Република СРБИЈА
Тел: +381 11 2186 635
Факс: +381 11 2638 500
Е-пошта: dekanat@bio.bg.ac.rs

50/132 - 14. 6. 2024.

На основу члана 96. Закона о високом образовању, члана 62. став 1. тачка 12. Статута Универзитета у Београду-Биолошког факултета и члана 29. Правилника о докторским студијама на Универзитету у Београду-Биолошком факултету, бр: 15/276 од 07.09.2018; 15/122 од 14.06.2019.; 15/132 од 11.09.2020. године., Наставно-научно веће Факултета, на VIII редовној седници одржаној 14. 6. 2024. године, донело је

О Д Л У К У

о прихватању теме докторске дисертације и одређивању ментора

На основу Извештаја Комисије за оцену научне заснованости теме докторске дисертације прихвата се тема докторске дисертације и одређује ментор кандидату:

Марку Р. Зечевићу, мастер инжењер електротехнике и рачунарства, студијског програма докторских студија: Молекуларна биологија, модул: Молекуларна генетика и геномика, под називом:

„Студија асоцијације геномског профила са тежином клиничке слике и популациона фармакогеномска анализа маркера повезаних са терапијским одговором код пацијената оболелих од COVID-19”

За менторе се одређују:

1. др Биљана Станковић, виши научни сарадник, Универзитет у Београду - Институт за молекуларну генетику и генетичко инжењерство,
2. др Јован Пешовић, доцент, Универзитет у Београду - Биолошки факултет.

Декан Биолошког факултета

Проф. др Љубиша Станисављевић

Доставити:

- Универзитету у Београду,
- докторанту,
- ментору;
- Стручној служби Факултета

**НАСТАВНО-НАУЧНОМ ВЕЋУ БИОЛОШКОГ ФАКУЛТЕТА
УНИВЕРЗИТЕТА У БЕОГРАДУ**

На VII редовној седници Наставно-научног већа Биолошког факултета Универзитета у Београду одржаној 13.05.2024. године, одређени смо у Комисију за оцену испуњености услова и научне заснованости предложене теме за израду докторске дисертације Марка Р. Зечевића, под насловом: „**Студија асоцијације геномског профила са тежином клиничке слике и популациона фармакогеномска анализа маркера повезаних са терапијским одговором код пацијената оболелих од COVID-19**”.

На основу поднете документације и увида у досадашњи рад Марка Р. Зечевића, Комисија подноси Наставно-научном већу Биолошког факултета Универзитета у Београду следећи:

ИЗВЕШТАЈ

А. Биографија:

Општи подаци:

Име, средње слово и презиме: Марко Р. Зечевић

Датум и место рођења: 07.06.1986, Сарајево

Образовање:

2020 - тренутно Докторске студије, Биолошки факултет, Универзитет у Београду

Програм – Молекуларна биологија/Молекуларна генетика и геномика

Експериментални део докторског рада изводи се у Лабораторији за молекуларну биомедицину, Института за молекуларну генетику и генетичко инжењерство (ИМГГИ).

2012 - 2015. Мастерирао на Електротехничком факултету, Универзитет у Београду

Смер – Сигнали и системи, 10/10

2005 - 2012. Дипломирао на Електротехничком факултету, Универзитет у Београду
Смер – Сигнали и системи, 8.4/10

Запослење:

2023 - тренутно Продукт менаџер, Velsera Београд

2018 - 2023. Вођа тима бионформатичара, Seven Bridges (од јуна 2023. - Velsera) Београд

2015 - 2018. Биоинформатичар, Seven Bridges Београд

2012 - 2015. Пројектант система упљавања и заштите у високонапонским постројењима, Power Comm d.o.o. Београд

Страни језици: енглески

Посебне активности и награде:

2021 - 2023. Гостујући предавач на стручном курсу Примењена биоинформатика на основним студијама на катедри за Рачунарство и информатику, Математички факултет, Универзитет у Београду

2017 - 2023. Гостујући предавач на курсу Геномска информатика на мастер студијама на катедри за Рачунарску технику и информатику, Електротехнички факултет, Универзитет у Београду

Б) Библиографија:

Конгресна саопштења на скуповима међународног значаја штампана у изводу (M34)

1. **Marko Zecevic**, Nikola Kotur, Bojan Ristivojevic, Vladimir Gasic, Branka Zukic, Sonja Pavlovic and Biljana Stankovic (2023). Genome-wide association analysis for severe COVID-19 in Serbian population. *4th Belgrade Bioinformatics Conference* (Vol. 4, pp. 84-84). Belgrade, Serbia

В. Тема докторске дисертације:

Наслов дисертације: „Студија асоцијације геномског профила са тежином клиничке слике и популациона фармакогеномска анализа маркера повезаних са терапијским одговором код пацијената оболелих од COVID-19”

Полазне основе:

Болест COVID-19, изазвана новим коронавирусом, SARS-CoV2, појавила се у децембру 2019. године у Вухану, Кини и врло брзо проширила широм света. Процењено је да је COVID-19 довела до смрти 7 милиона људи глобално и преко 17 хиљада у Србији. Пандемија је изазвала велика оптерећења на здравствене системе, економију, трговину, онемогућила интернационалну мобилност, изазвала проблеме са образовањем, социјалним сектором и нарушила свакодневни живот појединца. Иако је пандемија завршена, истраживања везана за COVID-19 су и даље актуелна с обзиром да болест и даље предстаља потенцијалну опасност по здравље становништва, нарочито у осетљивим и ризичним групама. Такође, стечена знања и искуства на пољу инфективних болести помажу да будемо спремни на нове здравствене претње и изазове.

COVID-19 представља системску болест која поред респираторног може захватити и друге органске системе као што је гастроинтестинални, кардиоваскуларни, бубрежни, неуролошки. Болест има варијабилну клиничку презентацију која варира од асимптоматских, благих, умерених па до тешких форми болести које могу завршити смртним исходом. Показано је да клиничка слика COVID-19 зависи од различитих фактора, међу којима су најзначајнији старост пацијената, присуство коморбидитета, генетичка основа, као и примењена терапија и одговор пацијената на лечење. Од почетка пандемије велики број антивирусних и антиинфламаторних лекова је нашло примену у лечењу COVID-19. За неке од ових лекова је познато да генетика пацијената може да утиче на ефикасност терапија и појаву нежељених ефеката.

Генетички фактори ризика за COVID-19 анализирани су у студијама асоцијације на нивоу генома, такозваним GWAS (eng *Genome Wide Association Studies*), које су се у великом броју спроводиле у периоду пандемије како би се брзо обрадиле велике количине геномских информација и идентификовали генски локуси асоцирани са инфекцијом и тежином болести. Циљ ових студија је да се разумеју биолошки процеси у основи COVID-19 и идентификују молекуларни путеви који би били потенцијални таргети за лекове. Такође, анализа геномског профила тешко оболелих или пацијената који неадекватно одговарају на терапију би могла да омогући стратификацију, бољу превенцију и ефикасније лечење, у складу са постулатима персонализоване/геномске медицине. Развој приступачних и брзих високо-пропусних методологија омогућава лако добијање свеобухватних информација о геномима појединаца. Међутим, уско грло у овом приступу представља анализа геномских података као и предикција потенцијалних клиничких исхода за које би требало направити доступне и прецизне биоинформатичке алате. Обзиром да су високо-пропусне технологије све присутније као помоћ у клиничким одлукама, једноставна екстракција информација из геномских фајлова и аутоматизовано аотирање су више него потребни. Ово је поготово важно за област фармакогенетике где

је потребно добити информације о генским диплотиповима (два хаплотипска алела) који имају функционални значај за одговор на терапију.

У постојећим GWAS студијама на тему COVID-19 недостају подаци о популацијама Западног Балкана што је од изузетне важности за налажење популационо специфичних маркера болести. Средина, учесталост генетичких варијанти и клинички приступи у терапији варирају између различитих популација. Зато је за сваку популацију значајно одредити учесталост генетичких маркера ризика за инфекцију, прогресију и лечење COVID-19. Истраживања на пољу геномике и фармакогеномике COVID-19, као и развој биоинформатичких алата за обраду геномских података, од значаја су за будуће вирусне епидемије. Брза геномска анализа омогућиће правовремено идентификовање пацијената из ризичних група за тешке форме COVID-19, као и одабир адекватне дозе лека и терапије. Поред тога, овакав приступ може унапредити мере превенције и контроле болести, што последично смањује обољевање, хоспитализацију и морталитет.

Предмет докторске дисертације:

Предмет предложене докторске дисертације је испитивање геномског и фармакогеномског профила пацијената оболелих од COVID-19 пореклом из Србије, као и развој аутоматизованог и репродуцибилног биоинформатичког протокола за обраду података добијених коришћењем високо-пропусних микрочип технологија у циљу извођења студија асоцијације на нивоу генома као и екстракције и аотације фармакогеномских популационих података.

Научни циљеви истраживања:

Предложена докторска дисертација ће бити реализована кроз следеће циљеве:

1. Идентификација генетичких варијанти повезаних са тежим облицима COVID-19 у кохорти пацијената из Србије. Овај циљ ће бити остарен кроз ретроспективну студију асоцијације на нивоу генома (GWAS) у оквиру које ће бити поређени генетички профили пацијената са различитим фенотипским категоријама COVID-19.
2. Карактеризација фармакогеномског профила кохорте из популације у Србији како би се издвојили значајни предиктивни генетички маркери одговора на постојеће лекове за COVID-19 пре њихових увођења у терапију (преемтивно тестирање). Овај циљ ће бити остварен кроз популациону фармакогеномску студију која ће обухватити анализу фармакогенетичких варијанти повезаних са одговором на лекове за COVID-19.
3. Развијање аутоматизованог и репродуцибилног биоинформатичког протокола за обраду сирових података са микрочипа, испитивање генотип-фенотип асоцијација

на нивоу целог генома (GWAS), као и за једноставну екстракцију и анотацију фармакогенетичких маркера важних за терапију COVID-19 из геномских фајлова.

Материјал и методе који се користе:

У истраживању ће бити коришћена кохорта од 216 пацијената оболелих од COVID-19, лечених у установама терцијарне неге у Београду (Клиника за пулмологију, Клиника за инфективне и тропске болести, Универзитетски Клинички Центар Србија). Сви пацијенти су прикупљени у уском временском интервалу (април-јун 2020. године), невакцинисани и лечени истим протоколом. Од сваког пацијената је узет информисан пристанак. Студија има етичку дозволу Института за молекуларну генетику и генетичко инжењерство за прикупљање узорака, као и извођење истраживања у оквиру предложене докторске дисертације.

Од пацијената је прибављена крв која ће се користити за екстракцију ДНК и даљу геномску анализу на микрочипу *Illumina Global Screening Array*. Овај панел садржи пробе за генотипизацију преко 700,000 варијанти. Број варијанти ће бити проширен импутацијом, биоинформатичком методом за предвиђање генских локуса који нису директно анализирани на микрочипу. Овим се постиже већа геномска покривеност и омогућава прецизнија анализа асоцијације. За студију асоцијације, пацијенти оболели од COVID-19 биће сврстани у различите категорије у зависности од тежине клиничке слике. Биће развијен репродуцибилан и портабилан биоинформатички протокол за обраду сирових геномских података добијених са микрочипа и сукцесивну анализу GWAS, описан језиком CWL (енг. *Common Workflow Language*). Овим ће се олакшати репродуковање резултата у будућности и направити корак ка стандардизацији сличних анализа. Кандидат варијанте које покажу значајну асоцијацију са фенотипом биће експериментално валидиране на независној групи пацијената (независна кохорта из Србије/друге објављене студије и јавно доступни подаци).

Иста студијска група (216 пацијената оболелих од COVID-19) биће предмет популационе фармакогеномске студије која би испитала учесталост генетичких маркера одговора на терапију лековима за COVID-19 у популацији Србије, што је значајно за њихов фармакогенетички потенцијал. Због тога ће бити развијен биоинформатички протокол за аутоматизовану екстракцију и анотацију фармакогенетичких варијанти из геномских фајлова испитаника описан језиком CWL. Фармакогенетичке варијанте ће бити изабране коришћењем релевантних база података као што су PharmGKB (енг. *Pharmacogenomics Knowledgebase*) и CPIC (енг. *Clinical Pharmacogenetics Implementation Consortium*), као и података доступних у литератури. Осим података о фармакогенетичким варијантама, биоинформатички протокол ће, уколико постоје, дати информације о фенотипу одговора на изабране терапеутике.

Очекивани резултати и научни допринос:

Очекује се да предложена студија резултује сетом кандидат-варијанти које су потенцијалне генетичке детерминанте ризика за развој тежег облика болести COVID-19 у популацији Србије. Поред валидације већ до сада препознатих генетичких фактора ризика за инфекцију и тежину болести COVID-19, студија има потенцијал да открије нове генске локусе асоциране са клиничком манифестацијом ове болести. Резултати популационе фармакогенетичке студије могли би послужити као основа за предлагање панела фармакогенетичких варијанти информативних за популацију Србије и одабраних на основу њихове дистрибуције и релевантности (нивоа валидираности у другим студијама). Овакав панел би могао да унапреди персонализовану употребу различитих терапеутика у нашој популацији.

Резултати овог доктората даће значајан допринос бољем разумевању фактора подложности тежим формама болести као и увид у фармакогеномски профил српске популације што би помогло развијању ефикасних и персонализованих стратегија лечења пацијената оболелих од COVID-19. Такође, овај докторат ће конструисати биоинформатички протокол за обраду сирових података анализираних на микрочипу, GWAS и фармакогеномску анализу који ће моћи да се употребљавају и у различитим студијама.

Најважнији литературни подаци који подржавају тему (до 10 референци)

1. Hu, J., and Wang, Y. (2021). The Clinical Characteristics and Risk Factors of Severe COVID-19. *Gerontology* 67, 255–266. doi:10.1159/000513400
2. Shelton, J. F., Shastri, A. J., Ye, C., Weldon, C. H., Filshtein-Sonmez, T., Coker, D., et al. (2021). Trans-Ancestry Analysis Reveals Genetic and Nongenetic Associations with COVID-19 Susceptibility and Severity. *Nat. Genet.* 53, 801–808. doi:10.1038/s41588-021-00854-7
3. COVID-19 Host Genetics Initiative (2021). Mapping the Human Genetic Architecture of COVID-19. *Nature* 600, 472–477. doi:10.1038/s41586-021-03767-x
4. Kousathanas A, Pairo-Castineira E, Rawlik K, Stuckey A, Odhams CA, Walker S, et al. (2022). Whole-genome sequencing reveals host factors underlying critical COVID-19. *Nature* 607, 97-103. doi: 10.1038/s41586-022-04576-6.
5. Al-Taie A, Büyük AŞ, Sardas S. (2022). Considerations into pharmacogenomics of COVID-19 pharmacotherapy: Hope, hype and reality. *Pulm Pharmacol Ther.* 77, 102172. doi: 10.1016/j.pupt.2022.102172.
6. Strozzi F, Janssen R, Wurmus R, Crusoe MR, Githinji G, Di Tommaso P, Belhachemi D, Möller S, Smant G, de Ligt J, Prins P. (2019) Scalable Workflows and Reproducible Data Analysis for Genomics. *Methods Mol Biol.* 1910:723-745. doi: 10.1007/978-1-4939-9074-0_24.

7. Crusoe M, Abeln S, Iosup A, Amstutz P, Chilton J, Tijanić N, Ménager H, Soiland-Reyes S, Gavrilović B, Goble C, and The CWL Community. (2022). Methods Included: Standardizing Computational Reuse and Portability with the Common Workflow Language. *Commun. ACM* 65, 6, 54–63. doi:10.1145/3486897

Г. Закључак и предлог:

Предложена тема је добро образложена и сагледана из различитих аспеката који обухватају геномске, фармакогеномске и биоинформатичке приступе у истраживању COVID-19. Актуелност и значај предложене теме, као и експериментални дизајн испуњавају научне захтеве докторске дисертације.

Комисија закључује да је тема докторске дисертације Марка Р. Зечевића, под насловом: **„Студија асоцијације геномског профила са тежином клиничке слике и популациона фармакогеномска анализа маркера повезаних са терапијским одговором код пацијената оболелих од COVID-19”** у потпуности научно заснована, као и да кандидат задовољава све услове за успешну реализацију овог истраживања.

На основу свега наведеног, Комисија предлаже Наставно-научном већу Биолошког факултета да прихвати ову тему и одобри израду предложене докторске дисертације. Комисија предлаже менторе: др Биљана Станковић, виши научни сарадник, Универзитет у Београду - Институт за молекуларну генетику и генетичко инжењерство и др Јован Пешовић, доцент, Универзитет у Београду - Биолошки факултет.

Београд, 30.05.2024.

Комисија:

др Душанка Савић Павићевић, редовни професор,
Универзитет у Београду - Биолошки факултет

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

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



ИНСТИТУТ ЗА МОЛЕКУЛАРНУ ГЕНЕТИКУ
И ГЕНЕТИЧКО ИНЖЕЊЕРСТВО
УНИВЕРЗИТЕТ У БЕОГРАДУ

Војводе Степе 444а | 11042 Београд | Република Србија
Тел. (011) 397 57 44 | Факс (011) 397 58 08 | т.р. 160-350089-28 | ПИБ 101736673

ИНСТИТУТ ЗА МОЛЕКУЛАРНУ ГЕНЕТИКУ
И ГЕНЕТИЧКО ИНЖЕЊЕРСТВО

Бр. 17/43

20-03-2024

ГОД

БЕОГРАД

контакт: etickiodbor@imgge.bg.ac.rs

На основу Правилника о раду Етичког одбора Института за молекуларну генетику и генетичко инжењерство, Универзитета у Београду, у складу са Одредбама и начелима садржаним у Хелсиншкој декларацији и Конвенцији Савета Европе о Људским правима и биомедицини од 1997. године, Етички одбор Института за молекуларну генетику и генетичко инжењерство, Универзитета у Београду је на седници ЕО П/2024 одржаној дана 20.03.2024. године одлучивао о захтеву др Биљане Станковић за одобрење студије и донео је

ОДЛУКУ О-ЕО-063/2024

Етички одбор ИМГГИ, УБ је сагласан са спровођењем научно-истраживачке студије: "Студија асоцијације геномског профила са тежином болести и популациона фармакогеномска анализа маркера важних за терапијски одговор код пацијената оболелих од COVID-19", чији је руководилац истраживања др Биљана Станковић.

Образложење

Чланови Етичког одбора су на седници одржаној 20.03.2024. године разматрали захтев др Биљане Станковић за одобрење студије: "Студија асоцијације геномског профила са тежином болести и популациона фармакогеномска анализа маркера важних за терапијски одговор код пацијената оболелих од COVID-19". На основу приложене документације, Етички одбор је сходно овлашћењима из члана 32. и 36. Правилника о раду Етичког одбора ИМГГИ (бр. 19/167 од 07.04.2020.г.) донео одлуку као у изреци.

Доставити:

- архиви Етичког одбора
- подносиоцу захтева



ПРЕДСЕДНИК ЕТИЧКОГ ОДБОРА
др Валентина Ђорђевић,
научни саветник, ИМГГИ, УБ



ИНСТИТУТ ЗА МОЛЕКУЛАРНУ ГЕНЕТИКУ
И ГЕНЕТИЧКО ИНЖЕЊЕРСТВО
УНИВЕРЗИТЕТ У БЕОГРАДУ

Војводе Степе 444а | 11042 Београд | Република Србија
Тел. (011) 397 57 44 | Факс (011) 397 58 08 | т.р. 160-350089-28 | ПИБ 101736673

ИНСТИТУТ ЗА МОЛЕКУЛАРНУ ГЕНЕТИКУ
И ГЕНЕТИЧКО ИНЖЕЊЕРСТВО

Бр. 17/44

20-03-2024

ГОД

БЕОГРАД

контакт: etickiodbor@imgge.bg.ac.rs

На основу Правилника о раду Етичког одбора Института за молекуларну генетику и генетичко инжењерство, Универзитета у Београду, у складу са Одредбама и начелима садржаним у Хелсиншкој декларацији и Конвенцији Савета Европе о људским правима и биомедицини од 1997. године, Етички одбор Института за молекуларну генетику и генетичко инжењерство, Универзитета у Београду је на седници ЕО П/2024 одржаној дана 20.03.2024. године одлучивао о захтеву др Биљане Станковић и донео је

ОДЛУКУ О-ЕО-063/2024/1

Етички одбор ИМГГИ, УБ је сагласан са спровођењем истраживања која су предвиђена у оквиру докторске тезе кандидата Марка Зечевића.

Образложење

Чланови Етичког одбора су на седници одржаној 20.02.2024.г размотрили захтев др Биљане Станковић, ментора докторанда Марка Зечевића, да се наведеном докторанду одобри истраживање у саставу његове докторске тезе. Истраживања планирана у оквиру односне докторске тезе су саставни део студије "Студија асоцијације геномског профила са тежином болести и популациона фармакогеномска анализа маркера важних за терапијски одговор код пацијената оболелих од COVID-19", чији је руководилац др Биљана Станковић, а која је одобрена од стране Етичког одбора ИМГГИ УБ (одлука О-ЕО-063/2024). На основу приложене документације и сагласности руководиоца студије, Етички одбор ИМГГИ УБ је донео одлуку као у изреци.

Доставити:

- архиви Етичког одбора
- подносиоцу захтева



ПРЕДСЕДНИК ЕТИЧКОГ ОДБОРА
др Валентина Борђевић,
научни саветник, ИМГГИ, УБ