

Биолошки факултет  
Број захтева: 50/64-1  
Датум: 14. 4. 2026.

УНИВЕРЗИТЕТ У БЕОГРАДУ  
ВЕЋУ НАУЧНИХ ОБЛАСТИ ПРИРОДНИХ НАУКА

### **ЗАХТЕВ**

**за давање сагласности на одлуке о усвајању извештаја Комисије за оцену докторске дисертације и о именовану комисије за одбрану**

Молимо да, сходно члану 48. ст. 5. тач. 3. Статута Универзитета у Београду ("Гласник Универзитета", број 201/2018, 207/2019, 213/2020, 214/2020, 217/2020, 230/21, 232/22 и 236/22), дате сагласност на одлуку о усвајању извештаја Комисије за оцену докторске дисертације:

КАНДИДАТ: **Вања Д. Танасић**

студент докторских студија на студијском програму: Биологија, модул: Генетика, уписан на докторске студије 2017/2018 године,

пријавио је тему докторске дисертације дана 11. 7. 2022. под називом:

**„Генетичка диференцијација популације Рома на територији Ребулике Србије”**

НАУЧНА ОБЛАСТ: Биолошке науке.

Универзитет је дана 22. 9. 2022. године. својим актом под бр. 02-07 Број: 61206-3552/2-22 дао сагласност на предлог теме докторске дисертације која је гласила:

**„Генетичка разноврсност популације Рома на територији Републике Србије“**

**Име и презиме ментора: др Милица Кецкаревић Марковић, доцент, Универзитет у Београду - Биолошки факултет.**

**Комисија за оцену докторске дисертације образована је на седници одржаној 20. 2. 2026. год, одлуком Факултета под бр. 50/28 у саставу:**

	Име и презиме члана комисије	звање	научна област	Установа у којој је запослен
1.	др Душан Кецкаревић	ванредни професор	биохемија и молекуларна биологија	Универзитет у Београду - Биолошки факултет
2.	др Михаило Јелић	ванредни професор	генетика и еволуција	Универзитет у Београду - Биолошки факултет
3.	др Слободан Давидовић	виши научни сарадник	генетика и еволуција	Универзитет у Београду - Институт за биолошка истраживања “Синиша Станковић” - Институт од националног значаја за Републику Србију

**Напомена:** уколико је члан Комисије у пензији навести датум пензионисања.

**Датум стављања извештаја Комисије и докторске дисертације на увид јавности 11. 3. 2026. године.**

**Наставно-научно веће факултета усвојило је извештај Комисије за оцену докторске дисертације на седници одржаној 14. 4. 2026. године.**

**Комисија за одбрану докторске дисертације** именована је на седници одржаној 14. 4. 2026. године, одлуком факултета под бр. 50/63, у саставу:

	Име и презиме члана комисије	звање	научна област	Установа у којој је запослен
1.	др Душан Кецкаревић	ванредни професор	биохемија и молекуларна биологија	Универзитет у Београду - Биолошки факултет
2.	др Михаило Јелић	ванредни професор	генетика и еволуција	Универзитет у Београду - Биолошки факултет
3.	др Слободан Давидовић	виши научни сарадник	генетика и еволуција	Универзитет у Београду - Институт за биолошка истраживања “Синиша Станковић” - Институт од националног значаја за Републику Србију

**Напомена:** уколико је члан Комисије у пензији навести датум пензионисања.

Декан Биолошког факултета

Проф. др Љубиша Станисављевић

- Прилог: 1. Одлука Наставно-научног већа о усвајању извештаја Комисије за оцену докторске дисертације и одлука о именовану Комисије за одбрану докторске дисертације**  
**2. Извештај Комисије о оцени докторске дисертације**  
**3. Примедбе на извештај Комисије о оцени докторске дисертације (уколико их је било) и мишљење Комисије о примедбама**



**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](mailto:dekanat@bio.bg.ac.rs)

**50/64 - 14. 4. 2026.**

На основу члана 40. став 3. Закона о високом образовању и члана 38. став 1. Правилника о докторским академским студијама Универзитету у Београду - Биолошком факултету, Наставно-научно веће Факултета, на VI редовној седници одржаној 14. 4. 2026. године, донело је

### **ОДЛУКУ**

1. Усваја се Извештај Комисије за оцену докторске дисертације кандидата:

**Вање Д. Танасић**, под називом:

**„Генетичка разноврсност популације Рома на територији Републике Србије“**

2. Именује се Комисија за одбрану докторске дисертације из тачке 1. Ове одлуке:

- др Душан Кецкаревић, ванредни професор, Универзитет у Београду - Биолошки факултет - члан,

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

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

Универзитет је дана 22. 9. 2022. године. својим актом под бр. 02-07 Број: 61206-3552/2-22 дао сагласност на предлог теме докторске дисертације.

## Образложење

Наставно-научно веће Факултета, на седници оджаној 14. 4. 2026. године, размотрило је Извештај Комисије за оцену докторске дисертације и констатовало да је докторска дисертација у складу са одобреном темом и да кандидат испуњава све услове за одбрану докторске дисертације предвиђене Правилником о докторским академским студијама на Универзитету у Београду - Биолошком факултету, укључујући и

### Радове и конгресна саопштења из докторске дисертације:

#### Б1. Радови у часописима међународног значаја:

1. **Tanasic V, Vukovic M, Mihajlovic Srejic M, Kecmanovic M, Keckarevic Markovic M, Keckarevic D. Genetic variability of Roma population in Serbia: The perspective from autosomal STR markers. *J Anthropol Sci.* 2024 Dec 26;102:105-121. doi: 10.4436/JASS.10202. PMID: 39003727 <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/39003727/> (M21a, IF<sub>2024</sub>=2,3, Anthropology 14/141)** M21a
2. **Tanasic V, Vukovic M, Mihajlovic Srejic M, Kecmanovic M, Keckarevic Markovic M, Keckarevic D. Genetic Variability of Roma Population in Serbia: The Perspective from Uniparentally Inherited Markers. *Am J Hum Biol.* 2025 Oct;37(10):e70152. doi: 10.1002/ajhb.70152. PMID: 41030104. <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/ajhb.70152> (M21, IF<sub>2024</sub>=1.7, Anthropology 28/141)** M21

Будући да наводи садржани у Извештају Комисије потврђују да су се стекли услови за одбрану докторске дисертације, то је донета одлука као у диспозитиву.

Декан Биолошког факултета

Проф. др Љубиша Станисављевић

Доставити:

- Универзитету у Београду,
- докторанту,
- Стручној служби Факултета.
- Архиви Факултета

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

На III редовној седници Наставно-научног већа Универзитета у Београду - Биолошког факултета, одржаној 20. фебруара 2026. године, на основу молбе ментора др Милице Кецкаревић Марковић, ванредног професора, Универзитета у Београду - Биолошког факултета, одређена је Комисија за преглед и оцену докторске дисертације Вање Д. Танасић, истраживач-сарадника, Универзитета у Београду - Биолошког факултета, под насловом: „**Генетичка разноврсност популације Рома на територији Републике Србије**“, у саставу: др Душан Кецкаревић, ванредни професор, 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 Вање Д. Танасић је оригинално научно истраживање које је урађено у Центру за форензичку и примењену молекуларну генетику, Универзитета у Београду - Биолошког факултета.

Докторска дисертација Вање Д. Танасић под насловом „Генетичка разноврсност популације Рома на територији Републике Србије“ обухвата 238 страна текста са 41 сликом и 92 табеле. Текст се састоји од 8 поглавља и то: Увод (39 страна), Циљеви рада (2 стране), Материјал и методе (32 стране), Резултати (56 страна), Дискусија (26 страна), Закључци (3 стране), Литература (18 страна) и Прилози (62 стране).

Докторска дисертација садржи и 15 уводних страна и то: насловну страну на српском и енглеском језику, страну са подацима о ментору и члановима комисије, захвалницу, повету, сажетак на српском (3 стране) и енглеском језику (3 стране) и садржај (4 стране). 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 (5 страна).

#### **Анализа докторске дисертације**

Кроз две тематске целине садржане у поглављу **Увод** сажето су приказани подаци из литературе који су непосредно повезани са темом докторске дисертације. Прва тематска целина се састоји од три потпоглавља. Кроз прва два потпоглавља дат је детаљан приказ историје Рома, од периода иницијалних миграција из јужне Азије у V веку па све

до модерног доба, са посебним освртом на њихов друштвени положај, религију и интеракције са другим популацијама. Треће потпоглавље садржи опис досадашњих сазнања о генетичкој структури ромских популација у Европи.

У оквиру друге тематске целине кандидаткиња је дала детаљан опис генетичких маркера који се користе за проучавање разноврсности људских популација. Прво потпоглавље укључује детаљан опис структуре и механизма мутација аутозомних локуса са кратким тандемским поновцима (eng. *Short Tandem Repeats, STR*), као и њихов значај и примену у областима форензичке и популационе генетике. У наредна два потпоглавља приказане су основне карактеристике генетичких маркера са унипаренталним обрасцем наслеђивања, митохондријске ДНК (мтДНК) и Y хромозома, као и њихов значај и примена у популационо-генетичким, молекуларно-антрополошким, форензичким и филогенетичким истраживањима. Поред тога, ова два потпоглавља садрже и делове о географској дистрибуцији и настанку основних мтДНК и Y хаплогрупа у људским популацијама, са посебним освртом на најучесталије хаплогрупе у Европи.

У поглављу **Циљеви** кандидаткиња је јасно нагласила да је предмет ове докторске дисертације испитивање разноврсности генофонда популације Рома на територији Републике Србије са популационо-генетичког и филогеографског аспекта, и дефинисала осам главних научних циљева. Прва два циља обухватала су процену генетичке разноврсности популације Рома на основу анализе генетичких маркера на аутозомним хромозомима, мтДНК и Y хромозому, укључујући и утврђивање спектра и заступљености мтДНК и Y хаплогрупа. Наредна три циља односила су се на анализу генетичке разноврсности ромских субпопулација формираних на основу разлика у географском пореклу, односно вероисповести, повезаношћу наведених разлика са структурираношћу ромске популације у Србији, те одређивањем односа како ромских субпопулација, тако и укупне ромске популације у Србији са већинском популацијом Републике Србије, анализом горе наведених генетичких маркера. Пети циљ подразумевао је анализу протока гена између ромске и већинске популације на овој територији на основу учесталости мтДНК и Y хаплогрупа различитог географског порекла. У оквиру шестог циља као задатак постављено је утврђивање степена генетичке диференцијације испитиване популације Рома са другим европским ромским популацијама, као и са општим популацијама земаља дуж историјске миграционе маршруте, такође анализом све наведених генетичких маркера. Седми циљ подразумевао је филогеографску анализу уочених хаплотипова у оквиру мтДНК хаплогрупа *M5a1b* и *M35b* и Y хаплогрупе *H-M82* путем конструисања хаплотипских мрежа. Последњи дефинисани циљ односио се на утврђивање доприноса социо-демографске историје разноврсности генофонда ромске популације у Републици Србији.

Поглавље **Материјали и методе** садржи седам потпоглавља у којима су детаљно описане све методе молекуларне генетике и биоинформатике које су коришћене у реализацији постављених циљева. У оквиру првог потпоглавља изнет је критеријум за укључивање испитаника у анализу и детаљно објашњено формирање различитих група испитаника. У овој дисертацији укупно је анализирано 269 испитаника, а због специфичних типова наслеђивања анализе различитих генетичких маркера обухватале су одабране делове целокупног узорка. Формирано је укупно пет група испитаника које се разликују по географском региону порекла претходне генерације (Роми пореклом из северног, западног, централног, југоистичног и јужног региона) и три групе испитаника које се разликују по вероисповести (Роми православне, католичке и исламске

вероисповести). Наредна два потпоглавља садрже детаљне описе методе изолације и квантификације геномске ДНК, након чега су у наредна три потпоглавља описане анализе три врсте генетичких маркера. У оквиру потпоглавља о анализи аутозомних *STR* маркера описана је амплификација циљаних региона ДНК применом *Investigator® 24plexQS* (*Qiagen*, Немачка) комплета реагенаса и анализе фрагмената на генетичком анализатору (*3500 Genetic Analyzer, Applied Biosystems*, САД) помоћу софтвера *GeneMapperID-X* (*Applied Biosystems*, САД). Потпоглавље „Анализа маркера на митохондријској ДНК“ садржи детаљан приказ анализе контролног региона мтДНК применом Сангерове методе секвенцирања и анализе целог митохондријског генома применом методе секвенцирања нове генерације. У потпоглављу „Анализа маркера на *Y* хромозому“ детаљно је објашњена анализа *27 Y-STR* локуса, коришћењем *Investigator® Argus Y-28 QS Kit* (*Qiagen*, Немачка) комплета реагенаса, и *22 Y-SNP* локуса (eng. *Single nucleotide polymorphism, SNP*), применом *ABI PRISM® SNaPshot™ Multiplex Kit* (*ThermoFisher Scientific*, САД) комплета реагенаса. Последње потпоглавље садржи информације о биостатистичкој обради резултата која је подразумевала одређивање параметара генетичке разноврсности коришћењем програма *Arlequin v.3.5.1.3* и *STRAF v. 2.1.5*, предикцију хаплогрупа помоћу програма у оквиру *EMPOP* базе података и *NevGen* програма, одређивање генетичке дистанце између парова популација на основу  $F_{ST}$  вредности и анализу молекуларне варијансе у програму *Arlequin v.3.5.1.3*, анализу главних компоненти (*PCA*) коришћењем програма *PAST v.4.3*, дискриминациону анализу главних компоненти (*DAPC*) помоћу програмског пакета *Adgenet* у оквиру *R* програмског језика и филогеографску анализу у оквиру мтДНК хаплогрупа *M5a1b* и *M35b* и *Y* хаплогрупе *H-M82* у програму *Network 4.6.0.0* и *Network Publisher (Fluxus Technology)*.

У поглављу **Резултати** кандидаткиња је јасно и у три тематске целине користећи табеле, слике и дијаграме, представила резултате докторске дисертације.

У првој целини приказани су резултати генетичке разноврсности популације Рома на територији Републике Србије, и она је подељена на три потпоглавља у оквиру којих су представљени подаци за сваки од испитиваних генетичких маркера. У потпоглављу „Анализа аутозомних локуса“ приказани су основни параметри генетичке разноврсности и учесталости алела на 21 аутозомном *STR* локусу, међу којима се локус *SE33* издвајао као најполиморфнији и локус са највећом генском разноврсношћу. Наредно потпоглавље „Анализа мтДНК“ садржало је приказ параметара генетичке разноврсности на основу анализе мтДНК, као и спектра и учесталости мтДНК хаплогрупа у популацији Рома. Резултати истраживања показали су да највећи део мтДНК генофонда заузимају хаплогрупе западноевроазијског порекла (69,5%), од којих је најучесталија хаплогрупа *H7a1a* (4,83%). Хаплогрупе јужноазијског порекла чине 29% уочених линија, при чему је у испитиваном узорку ромске популације најучесталија хаплогрупа *M5a1b* (24,2%). У оквиру потпоглавља „Анализа локуса на *Y* хромозому“ представљени су параметри генетичког диверзитета и учесталости алела на 26 *Y-STR* локуса, међу којима се локус *DYS481* издвајао као најполиморфнији, док је највећу генску разноврсност имао локус *DYS385ab*. Анализе спектра и учесталости *Y* хаплогрупа показале су да највећи удео у генофонду имају хаплогрупе јужноазијског порекла (54,55%), међу којима се истиче *H-M82* (50,3%). На основу анализе *Y-SNP* локуса припадници ове хаплогрупе даље су сврстани у низводну подграну *H-M2972*.

Следећа тематска целина садржи резултате анализе генетичке разноврсности субпопулација Рома на територији Републике Србије које се разликују по географском

порокљу, односно вероисповести. Као и претходна, и ова целина је подељена на потпоглавља у оквиру којих су представљени подаци за сваки од три коришћена генетичка маркера уз додатак потпоглавља са резултатима анализе симетричности полно специфичних образаца протока гена између ромске и већинске популације на овој територији. Резултати приказани у потпоглављу „Анализа аутозомних локуса“ показују низак ниво генетичке диференцијације међу ромским субпопулацијама, а највише  $F_{ST}$  вредности добијене су при поређењу групе пореклом из северног региона са осталим ромским групама. У случају религијске категоризације, показано је да се субпопулације мањинских вероисповести значајно разликују, како међусобно тако и у односу на већинску популацију. У оквиру потпоглавља „Анализа мтДНК“ истакнута је генетичка сличност митохондријског генофонда између субпопулација пореклом из централног и западног региона Републике Србије, док су у случају ромских група различите вероисповести највеће разлике уочене у односу на групу католичких Рома. Хаплогрупа *M5a1b* била је најучесталија у свим ромским групама, а њена учесталост кретала се између 7,41% (група из западног региона) и 39,22% (група из југоисточног региона) у групама које се разликују по региону порекла, док се у случају група различите вероисповести кретала од 20,9% (група православних Рома) до 32,1% (група муслиманских Рома). Процент варијације митохондријског генофонда нижи је међу ромским групама које се разликују по религијској припадности у поређењу са групама различитог географског порекла. У потпоглављу „Анализа локуса на *Y* хромозому“ приказана је висока учесталост хаплогрупа јужноазијског порекла у свим ромским субпопулацијама осим у групама из централног региона и православних Рома. Учесталост хаплогрупе *H-M82* кретала се од 69,6% (група из југоисточног региона) до 27,9% (група из централног региона) у групама које се разликују по региону порекла, док се у случају група различите вероисповести кретала између 68,1% (група муслиманских Рома) и 42,4% (група православних Рома). Уочен проценат варијабилности *Y* генофонда је двоструко већи између субпопулација Рома различите религијске припадности у односу на групе са различитим географским пореклом. У оквиру потпоглавља „Анализа симетричности полно специфичних образаца протока гена између популације Рома и опште популације на територији Републике Србије“ указано је да је на асиметричан проток гена унутар свих ромских субпопулација, при чему је изражен проток гена преко мушкараца уочен једино у субпопулацији пореклом из централног региона Србије, док је у групи Рома православне вероисповести готово симетричан.

Трећа тематска целина обухвата потпоглавља везана за утврђивање степена генетичке диференцијације између ромске популације у Србији и одабраних општих и ромских популација других земаља на основу варијабилности анализираних маркера. У потпоглављу „Анализа аутозомних локуса“ дати су резултати анализе  $F_{ST}$  вредности на основу којих је се може видети да је популација Рома у Србији најсличнија блискоисточним популацијама и ромској популацији у Словачкој. Исти резултати показани су и у оквиру потпоглавља „Анализа мтДНК“, у ком је истакнута и већа сличност митохондријског генофонда различитих ромских популација у односу на опште популације. Хаплотипска мрежа конструисана на основу хаплотипова унутар хаплогрупе *M5a1b* указује на експанзију ромске популације након напуштања јужне Азије. На основу варијабилности *Y* генофонда, у потпоглављу „Анализа локуса на *Y* хромозому“ показана је велика сличност генофондова ромских популација, као и њихову већу сличност са блискоисточним и јужноазијским у односу на европске популације. Генеалогички односи

хаплотипова унутар хаплотипске мреже хаплогрупе *H-M82* додатно указују на демографску експанзију и недавну диверзификацију.

Поглавље **Дискусија** посвећено је сажетом тумачењу резултата добијених у овој дисертацији и упоредној анализи са подацима документованим у досадашњој научној литератури, и садржи три потпоглавља. У оквиру првог потпоглавља кандидаткиња дискутује генетичку разноврсност популације Рома на територији Републике Србије поређењем добијених параметара са истим параметрима који су приказани у литератури за одабране опште и ромске популације. Поред тога, у овом делу Дискусије представљена је детаљна анализа мтДНК и *Y* хаплогрупа које су уочене у испитиваној популацији. У наредном потпоглављу кандидаткиња објашњава генетичку структурираност популације Рома на територији Републике Србије кроз анализу различитих субпопулација, са посебним освртом на историјске догађаје и еволуционе механизме који су утицали на њено формирање. Последње потпоглавље односи се на анализу степена генетичке диференцијације ромске популације у Србији у односу на одабране опште и ромске популације, са посебним освртом на њихове интеракције кроз историју.

У поглављу **Закључци** сажето и јасно су представљени најважнији налази добијени у оквиру ове дисертације, на основу којих је потврђено да су постављени циљеви истраживања остварени. На основу анализе експерименталних резултата формулисано је осам закључака. Вредности испитиваних стандардних параметара генетичког диверзитета указују на присуство високог степена разноврсности анализираних маркера у популацији Рома на територији Републике Србије. Поређење дистрибуције мтДНК и *Y* хаплогрупа у општој и ромској популацији на овој територији пружила је увид у њихов однос указујући на значајан проток гена из већинске популације у ромску и ограничен проток гена преко мушкараца у обрнутом смеру. Низак ниво диференцијације утврђен је између ромских субпопулација, при чему је нешто већа хетерогеност забележена међу ромским групама које се разликују по вероисповести у односу на групе различитог географског порекла. Додатно, резултати сугеришу да је религијска припадност представљала значајнију баријеру за проток гена преко мушкараца него што је то био случај са женама, као и да је присутан мањи степен мешања субпопулација мањинских вероисповести са општом популацијом Србије. Асиметричан проток гена забележен је у свим анализираним ромским групама, и то доминантно преко жена што осликава традиционалне патриолокалне обичаје у заједницама. Иако хетерогене, ромске популације у Европи показују већи степен међусобне генетичке сличности него у поређењу са општим популацијама, при чему су најмање разлике уочене између генофондова популација Рома на Балканском полуострву. У односу на одабране опште популације, Роми на територији Републике Србије показују највећу сличност са блискоисточним популацијама и популацијом пакистанског Панџаба. Резултати филогеографске анализе сугеришу већу разноврсност предачког митохондријског генофонда и наглу експанзију популације након напуштања прадомовине у јужној Азији. Сумирано, ромске заједнице на територији Републике Србије не представљају изоловане ентитете, већ је њихова генетичка разноврсност, поред ефеката генетичког дрефта, обликована различитим степеном мешања са другим ромским и неромским популацијама пре и током боравка на овој територији, као и савременим променама друштвених норми које су довеле до значајног повећања протока гена са већинском популацијом.

Поглавље **Литература** садржи 204 библиографске јединице. Литературни подаци су адекватно и на одговарајућим местима цитирани у тексту ове докторске дисертације.

Поглавље **Прилози** садржи 60 табела у оквиру којих су приказане популације коришћене за процену степена генетичке диференцијације, концентрације прајмера у прајмер миксу и *SNaPshot* реакцијама за одговарајуће мултиплекс реакције, генотипови добијени анализом аутозомних 21 *STR* локуса, хаплотипови добијени анализом контролног региона мтДНК и целог митохондријског генома, хаплотипови добијени анализом 27 *Y STR* локуса, дистрибуција учесталости мтДНК хаплогрупа, дистрибуције алелских учесталости испитиваних аутозомних и *Y STR* локуса у различитим ромским субпопулацијама, матрице  $F_{ST}$  вредности између парова популација и резултати анализе молекуларне варијансе са редукованим бројем узорака у субпопулацијама различите вероисповести.

## Радови и конгресна саопштења из докторске дисертације

### Б1. Радови у часописима међународног значаја

1. **Tanasić V**, Vukovic M, Mihajlovic Srejjic M, Kecmanovic M, Keckarevic Markovic M, Keckarevic D. **Genetic variability of Roma population in Serbia: The perspective from autosomal STR markers**. *J Anthropol Sci*. 2024 Dec 26;102:105-121. doi: 10.4436/JASS.10202. PMID: 39003727 <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/39003727/> (M21a, IF<sub>2024</sub>=2,3, Anthropology 14/141)
2. **Tanasić V**, Vukovic M, Mihajlovic Srejjic M, Kecmanovic M, Keckarevic Markovic M, Keckarevic D. **Genetic Variability of Roma Population in Serbia: The Perspective from Uniparentally Inherited Markers**. *Am J Hum Biol*. 2025 Oct;37(10):e70152. doi: 10.1002/ajhb.70152. PMID: 41030104. <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/ajhb.70152> (M21, IF<sub>2024</sub>=1.7, Anthropology 28/141)

### Б2. Конгресна саопштења на скуповима међународног значаја

1. **Tanasić V**, Mihajlović M, Kecmanović M, Keckarević Marković M, Keckarević D. **Analysis of paternal and maternal lineages in Serbian Roma population** Abstract Book: p.91 12<sup>th</sup> Haploid Markers; Budapest, Hungary, May 2023 M34
2. **Tanasić V**, Vuković M, Mihajlović Srejić M, Kecmanović M, Keckarević Marković M, Keckarević D. **Genetic variability of Roma population in Serbia: The Perspective From Autosomal STR Markers**. Abstract book: p. 422, 30th Congress of the International Society for Forensic Genetics, Santiago de Compostela, Spain, September 2024. M34
3. **Tanasić V**, Vuković M, Mihajlović Srejić M, Kecmanović M, Keckarević Marković M, Keckarević D. **Genetic variability of Roma population in Serbia: The Perspective From Uniparentally inherited markers**. Abstract book: p. 30, 13<sup>th</sup> Haploid Markers; Belgrade, Serbia, May 2025 M34

## Провера оригиналности докторске дисертације

Докторска дисертација кандидаткиње Вање Д. Танасић, Б3020/2017 послата је дана 24. фебруара 2026. године на софтверску проверу оригиналности. Резултати електронске провере ове докторске дисертације показују да индекс подударности износи 7%. Увидом у Извештај утврђено је подударање са 140 сумарних извора. Детаљном анализом добијеног Извештаја и поклапања по сегментима, уочено је да је подударање са једним извором било 2%, са другим извором 1%, а у свим преосталим случајевима мање од 1%. Наведена преклапања краћих делова појединих различитих реченица нису повезана и не чине смислену целину. Поклапања су превасходно 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 Вање Д. Танасић, под насловом **„Генетичка разноврсности популације Рома на територији Републике Србије“**, те се прописани поступак припреме за њену одбрану може наставити.

## Мишљење и предлог Комисије

Докторска дисертација кандидаткиње Вање Д. Танасић, под насловом „**Генетичка разноврсности популације Рома на територији Републике Србије**“ представља оригинални научни рад који је у складу са планом наведеним у пријави теме. Дисертација је конципирана и израђена у складу са основним принципима научно-истраживачког рада и обухвата све неопходне структурне елементе докторске дисертације.

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 дефинисане циљеве. Добијени резултати истраживања су систематично и прегледно приказани уз одговарајућу методолошку и статистичку обраду, а потом и критички размотрени у односу на релевантне литературне податке. Изведени закључци су јасно и аргументовано формулисани. Комисија оцењује да дисертација представља значајан научни допринос области популационе генетике, који се огледа у бољем разумевању демографске историје и разноврсности популације Рома на територији Републике Србије. Такође, кроз детаљну анализу постојеће разноврсности различитих ромских заједница на овим просторима приказан је утицај историјских догађаја и промена друштвених норми на интеракцију ових група, како међусобно тако и са већинском популацијом. Два рада са резултатима из ове докторске дисертације, у којима је Вања Д. Танасић први аутор, публикована су у водећим међународним часописима и презентовани на три конгреса међународног значаја.

На основу свега горе наведеног Комисија предлаже Наставно-научном већу Биолошког факултета Универзитета у Београду да прихвати позитивну оцену докторске дисертације кандидаткиње Вање Д. Танасић, под насловом „**Генетичка разноврсност популације Рома на територији Републике Србије**“ и тиме омогући кандидаткињи јавну одбрану докторске дисертације.

### КОМИСИЈА:

У Београду, 5. 3. 2026. године

---

др Душан Кецкаревић, ванредни професор,  
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

Већу докторских студија  
Наставно-научном већу  
Биолошког факултета Универзитета у Београду

## ОЦЕНА ИЗВЕШТАЈА О ПРОВЕРИ ОРИГИНАЛНОСТИ ДОКТОРСКЕ ДИСЕРТАЦИЈЕ

Докторска дисертација кандидаткиње **Вање Д. Танасић, Б3020/2017** послата је дана **24. фебруара 2026.** године на софтверску проверу оригиналности. Извештај који садржи резултате провере оригиналности ментор је добио дана **24. фебруара 2026.**

На основу извршене анализе од стране Универзитетске библиотеке Светозар Марковић коришћењем програма *iThenticate*, утврђен је проценат подударности од 7%. Увидом у Извештај утврђено је подударање са 140 сумарних извора. Детаљном анализом добијеног Извештаја и поклапања по сегментима, уочено је да је подударање са једним извором било 2%, са другим извором 1%, а у свим преосталим случајевима мање од 1%. Наведена преклапања краћих делова појединих различитих реченица нису повезана и не чине смислену целину. Поклапања су превасходно 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 **Вање Д. Танасић**, под насловом „**Генетичка разноврсност популације Рома на територији Републике Србије**“, те се прописани поступак припреме за њену одбрану може наставити.

У Београду, 4. 3. 2026.

Ментор



др Милица Кецкаревић Марковић, ванредни професор,  
Универзитет у Београду - Биолошки факултет



---

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](mailto:dekanat@bio.bg.ac.rs)

42/6 - 10. 3. 2023.

На основу члана 93. став 4. Статута Универзитета у Београду-Биолошког факултета и члана 24а став 3. Правилника о докторским студијама на Универзитету у Београду-Биолошком факултету, број 15/297 од 20. 5. 2014. године, а на захтев Вање Танасић, студента докторских студија, Наставно-научно веће Факултета, на V редовној седници одржаној 10. 3. 2023. године, донело је

### ОДЛУКУ

Вањи Танасић, М3020/2017, студенту докторских студија на Биолошком факултету у Београду, одобрава се продужетак рока за завршетак студија најкасније до истека рока у троструком броју школских година потребних за реализацију студијског програма, односно до 30. 9. 2026. године.

### Образложење

Вања Танасић, уписала је докторске студије на Биолошком факултету у Београду школске 2017/2018. године.

Пре истека наведеног рока, 30. 9. 2023. године, именована је поднела захтев Наставно-научном већу Факултета да јој се продужи рок за завршетак студија у складу са Статутом Факултета наводећи као разлог проблеме до којих је дошло у процесу завршетка докторске дисертације.

Чланом 101. став 4. Статута Универзитета у Београду прописано је да се студенту на лични захтев, поднет пре истека рока из ст. 1. и 2. овог члана, односно, двоструког броја школских година потребних за реализацију студијског програма, може продужити рок за завршетак студија до истека рока у троструком броју школских година потребних за реализацију студијског програма.

На основу наведеног донета је одлука као у диспозитиву.



Председник ННВ, Декан Факултета

Проф. др Љубиша Станисављевић