

Univerzitet Crne Gore  
Biotehnički fakultet

Mihaila Lalića 15, 81 000 Podgorica



Broj 07-3022/3  
Podgorica, 10.09.2020

UNIVERZITET CRNE GORE  
- Centar za doktorske studije -

PODGORICA

Poštovani,

U prilogu akta dostavljamo vam:

- Mišljenje Vijeća o izvještaju mentora
- Prijavu teme doktorske disertacije i
- Odluku Vijeća Biotehničkog fakulteta o imenovanju Komisije za ocjenu podobnosti doktorske teze i kandidata, doktoranda mr Milene Đokić.



DEKAN

*Božidarka Marković*  
Prof. dr Božidarka Marković

UNIVERZITET CRNE GORE

Biotehnički fakultet

Broj: 07-3022

Podgorica: 10.09.2020

Na osnovu člana 64 stav 2, tačka 9 Statuta Univerziteta Crne Gore i člana 33, stav 2 Pravila doktorskih studija Univerziteta Crne Gore, Vijeće Biotehničkog fakulteta je na 26. sjednici petog saziva, održanoj 9.09. 2020. dalo

### MIŠLJENJE

Prihvata se Izvještaj mentora o radu doktoranda mr Milene Đokić na istraživanjima i postignutim rezultatima (IM obrazac).

### Obrazloženje

Dr Božidarka Marković, vanredni profesor na Biotehničkom fakultetu podnijela je Komisiji za doktorske studije Izvještaj o napredovanju doktoranda (IM obrazac) mr Milene Đokić.

Komisija za doktorske studije je nakon razmatranja dostavljene dokumentacije predložila Vijeću Biotehničkog fakulteta da prihvati predmetni Izvještaj.

Imajući u vidu navedeno, dato je Mišljenje kao u dispozitivu.



DEKAN

Prof. dr Božidarka Marković

Dostaviti:

Centru za doktorske studije

Predsjedniku Komisije za doktorske studije BTF

a/a

## IZVJEŠTAJ KOMISIJE ZA DOKTORSKE STUDIJE

Komisija za doktorske studije Biotehničkog fakulteta razmatrala je i prihvatila:

- Godišnji izvještaj mentora,
- Prijavu teme doktorske disertacije i
- Predlog komisije za ocjenu podobnosti doktorske teza doktoranada Milene Đokić.

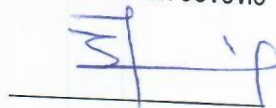
O predmetnoj dokumentaciji članovi komisije su se izjasnili elektronskim putem. Pozitivno mišljenje o godišnjem izvještaju mentora, prijavi teme doktorske disertacije i predlogu komisije za ocjenu podobnosti doktorske teza doktoranada Milene Đokić dali su prof. dr Zoran Jovović, prof. dr Radmila Pajović, prof. dr Đina Božović i prof dr. Nedeljko Latinović. Prof. dr Aleksandra Despotović nije dostavila svoje mišljenje.

Komisija za doktorske studije predlaže Vijeću da nastavi sa daljom procedurom.

U Podgorici, 8/9/2020.

Predsjednik Komisije za doktorske studije

Prof. dr Zoran Jovović



Prilog:

- Pozitivno mišljenje prof. dr Radmile Pajović
- Pozitivno mišljenje prof. dr Đine Božović
- Pozitivno mišljenje prof dr. Nedeljka Latinovića

**UNIVERZITET CRNE GORE**  
**Biotehnički fakultet Podgorica**

Komisiji za doktorske studije

CRNA GORA  
UNIVERZITET CRNE GORE  
BIOTEHNIČKI FAKULTET

Broj: 07-2953  
Podgorica, 07.09.2020. god.

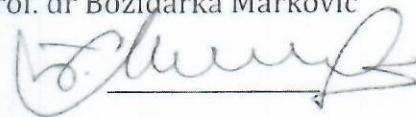
**Predmet:** Predlog Komisije za ocjenu podobnosti doktorske teze i kandidata

Predlažem Komisiji za doktorske studije Biotehničkog fakulteta da imenuje komisiju za ocjenu podobnosti doktorske teze: 'Genetički diverzitet i struktura crnogorskih populacija ovaca' i kandidata mr Milene Đokić u sastavu:

1. Prof. dr Božidarka Marković, vanredni profesor Biotehničkog fakulteta Univerziteta Crne Gore (naučna oblast: stočarstvo) - mentor
2. Prof. dr Đina Božović, redovni profesor, Biotehnički fakultet Univerziteta Crne Gore (naučna oblast: genetika, predmet Opšta genetika) - član i
3. Prof. dr Milan Marković, vanredni profesor Biotehničkog fakulteta Univerziteta Crne Gore (naučna oblast: stočarstvo) - član.

Mentor

Prof. dr Božidarka Marković



U Podgorici, 04.09.2020.

\*\*\*Obrazloženje: U narednim etapama rada - izrade i ocjene doktorske disertacije biće uključen novi član iz inostranstva (Regiona), zamjenom jednog od predloženih članova ili će biti dodata dva nova člana iz drugih institucija.



## PRIJAVA TEME DOKTORSKE DISERTACIJE

OPŠTI PODACI O DOKTORANDU	
Titula, ime i prezime	Mr Milena Đokić
Fakultet	Biotehnički fakultet, Univerzitet Crne Gore, Podgorica
Studijski program	Biotehnika
Broj indeksa	2/2019
Ime i prezime roditelja	Dragoje Đokić
Datum i mjesto rođenja	14.05.1992., Berane
Adresa prebivališta	Geteova br.7., Podgorica
Telefon	+382 67 841 312
E-mail	milena.dj1405@gmail.com
BIOGRAFIJA I BIBLIOGRAFIJA	
Obrazovanje	2015. - 2019. Biotehnički fakultet, Podgorica – Magistar stočarstva, MSc Stočarstvo – srednja ocjena "A" (10.00) 2014. - 2015. Biotehnički fakultet, Podgorica – Specijalista stočarstva, Spec. Sci Stočarstvo – srednja ocjena "A" (10.00) 2011. - 2014. Biotehnički fakultet, Podgorica – Bachelor stočarstva, BSc stočarstvo – srednja ocjena "A" (9.96)
Radno iskustvo	Oktobar 2015. - januar 2016. - Program stručnog osposobljavanja visokoškolaca, Biotehnički fakultet, Univerzitet Crne Gore Od 2016. - Saradnik u nastavi, studijski program Stočarstvo/Animalna proizvodnja na Biotehničkom fakultetu, Univerziteta Crne Gore.
Popis radova	Dubljević, R., Đorđević, N., Radonjić, D., <b>Đokić, M.</b> (2020): Quality of silage of mixed sunchoke and lucerne forage. Agriculture and Forestry, 66 (2): 151-156. <b>Đokić, M.</b> , Marković, B., Marković, M., Mirecki, S., Veljić, M. (2019): Relationship between $\beta$ -lactoglobulin gene polymorphism and milk traits and milk composition of Sora sheep breed. "International Symposium on Animal Science (ISAS)", Herceg Novi, Crna Gora. Radonjić, D., Marković, B., Marković, M., Stešević, D., Dubljević, R., <b>Đokić, M.</b> (2018): High alpine pasture botanical composition and biomass quality, Green room sessions 2018 – International GEA (Geo Eco.Eco Agro) Podgorica, Crna Gora. Marković, B., Marković, M., <b>Đokić M.</b> (2017): The morphological characterisation of donkey population in Montenegro. Conference Paper. 52th Croatian and 12th International Symposium on Agriculture. Veljić, M., Radonjić, D., <b>Đokić, M.</b> (2017): Effect of lighting period and diets density of broiles on the appearance of lesions on the foot pads. Agriculture & Forestry, Vol. 62 Issue 3: 277-284.

	<p>2016, Podgorica.</p> <p>Marković, M., Marković, B., Dubljević, R., Radonjić, D., Đokić, M., Mirecki, S., Jovović, Z. i Mirecki, N. (2017): Poljoprivreda planinskih područja. Priručnik za proizvođače. Univerzitet Crne Gore, Biotehnički fakultet, Podgorica.</p> <p>Marković, B., Đokić, M., Tomić, D., Marković, M. (2017): Sustainable use and conservation of sheep genetic resources in Montenegro, International Symposium on Animal Science (ISAS), Herceg Novi, Crna Gora.</p> <p>Marković, B., Radonjić, D., Đokić, M., Marković, M. (2017): Genetic variants of Kappa casein in Busha and Brown Swiss breeds of cattle. Second International Conference on Biotechnology in Agriculture, Agricultural University of Tirana, Tirana, Albania.</p> <p>Čurović, M., Pavićević, K., Đokić, M., Drobnjak, D. (2016): Analysis of the energy potential of agricultural biomass residues in Montenegro, Agriculture &amp; Forestry, Vol. 62 Issue 3: 277-284, 2016, Podgorica.</p> <p>Marković, B., Đokić, M., Drobnjak, D., and Marković, M. (2016): Satus and trends of sheep production in the Durmitor area, Book of Abstracts, International Conference: Sustainable development of mountain areas – Experiences, challenges and perspectives, Žabljak, September 14-16, 2016 Montenegro.</p> <p>Đokić, M. (2014): Mogućnost primjene dobre poljoprivredne prakse u zaštiti zemljišta u Crnoj Gori, Zbornik radova/ 7 naučno-stručni skup "Studenti u susret nauci", Univerzitet Banja Luka, Bosna i Hercegovina.</p>
<b>NASLOV PREDLOŽENE TEME</b>	
Na službenom jeziku	<b>Genetički diverzitet i struktura crnogorskih populacija ovaca</b>
Na engleskom jeziku	<b>Genetic diversity and structure of Montenegrin sheep populations</b>
<b>Obrazloženje teme</b>	
<p>Ovca (<i>Ovis aries</i>) je najranije pripitomljena vrsta domaćih životinja (oko 10.000 godina p.n.e) na području Centralne Azije, odakle se potom proširila svijetom (<i>Rochus i sar., 2020</i>). U Evropi su bila dva glavna puta širenja ovaca južni Mediteranski i sjeverni Panonskom nizijom (<i>Zeder, 2008</i>). Ovčarstvo je značajna grana stčarstva, a posebno u zemljama i regionima sa velikim pašnjačkim površinama, specifičnim geografskim, pedološkim i klimatskim uslovima, koji su često manje povoljni za druge vrste domaćih životinja. U Crnoj Gori ovčarstvo po važnosti je odmah iza govedarstva, a njegov značaj posebno dolazi to izražaja u Sjevernom regionu gdje dominiraju planinski pašnjaci i livade (<i>Marković i sar., 2007, Marković i sar., 2011</i>).</p> <p>Genetički diverzitet u ovčarstvu, izražen brojem rasa, sojeva i populacija, najveći je od svih vrsta domaćih životinja iz skupine sisara. Prema FAO izvještaju iz 2015. broj lokalnih rasa u svijetu je 1155, a broj prekograničnih 227 rasa.</p> <p>Do sada je na prostoru Crne Gore identifikovano ukupno sedam autohtonih populacija i rasa ovaca (<i>Marković i sar., 2020</i>). Sve su one veoma specifične, dobro prilagođene različitim klimatskim uslovima, te predstavljaju vrlo vrijedan genetički resurs, a za njih su tijesno vezani i neki tradicionalni proizvodi. Nastajale su kao rezultat prirodne selekcije i djelovanjem čovjeka - odgajivača. Međutim, mnoge od ovih rasa i populacija su, usljed stalnog trenda opadanja broja ovaca i nekontrolisanog</p>	

ukrštanja sa drugim rasama, postale veoma malobrojne, a neke su u riziku od nestanka (*Marković i sar., 2011*). U ukupnoj populaciji najzastupljenije su jezeropivska pramenka i sjenička rasa ovaca, dok je znatno manje učešće bardoke, ljabe i sore, a zetska i piperska žuja broje svega par desetina grla i u riziku su od nestanka (*Marković i sar., 2020*).

Autohtone crnogorske rase ovaca zbog svojih specifičnosti, dobre prilagođenosti na surove ambijentalne uslove i tijesne veze sa tradicionalnim proizvodima, predstavljaju vrijedan genetički resurs i veoma su važne sa aspekta očuvanja domaćih genotipova.

Zbog materijalnih i nematerijalnih vrijednosti koje imaju autohtonih rasa ovaca i domaćih životinja uopšte, danas se razvijaju globalne, regionalne i nacionalne strategije njihovog očuvanja i korišćenja. S ciljem očuvanja genetičkog diverziteta u poljoprivredi Crne Gore Ministarstvo poljoprivrede je 2008. godine usvojilo Nacionalni program i akcioni plan očuvanja genetičkih resursa u stočarstvu. Uz smjernice donesene tim dokumentima uspostavljen je program „in situ“ konzervacije ugroženih rasa domaćih životinja i preduzete su mjere za povećanje tih populacija i podizanje profitabilnosti njihovih uzgoja (*Marković i sar., 2011*).

Globalnim akcionim planom za animalne genetičke resurse *FAO (2007)* definisana su dva strateška prioriteta koja se odnose na karakterizaciju i očuvanje genetičkog diverziteta. Genetička karakterizacija i utvrđivanje diverziteta lokalnih populacija prvi je korak u uspostavljanju adekvatnog programa njihovog očuvanja i održivog korišćenja. Ubrzan razvoj tehnika u oblasti molekularne genetike i primjena brojnih molekularnih markera omogućilo je direktno proučavanje genetičkog diverziteta na nivou DNK. Molekularna genetika daje osnovne spoznaje o porijeklu, nivou odgajivanja u srodstvu, kontaminiranosti drugim genomima, što je osnova za kreiranje odgovarajućih odgajivačkih programa (*Ivanković, 2005, Eusebi i sar., 2020*).

Genetički (molekularni) markeri su jedno od najmoćnijih sredstava genomske analize, jer detektuju genetičke varijacije na nivou molekula DNK i njihovo povezivanje sa nasljednim osobinama. Brojna istraživanja genetičkog diverziteta populacija ovaca krajem 90-ih godina 20. vijeka sprovedena su primjenom mikrosatelita, koji su bili među najpopularnijim tipovima markera u studijama genetičke karakterizacije (*Lenstra i sar., 2012*). Primjenom tih markera proučavan je diverzitet (resursa) domaćih životinja, s posebnim naglaskom na autohtone neselekcionisane rase u okviru raznih država (*Međugorac i sar., 2009*). Paralelno sa razvojem mikrosatelita razvijalo se i širilo korišćenje mtDNK kao markera, naročito u filogenetskim studijama porijekla rasa, rekonstrukciji migracionih ruta, identifikaciji divljih predaka, lokalizaciji centara za pripitomljavanja i sl. (*Groeneveld i sar., 2010, Ajmone-Marsan i sar., 2010*). Brz napredak u oblasti molekularne tehnologije posljednjih desetak godina doveo je do primjene nove generacije sekvenciranja (engl. *Next Generation Sequencing - NGS*) koja podrazumijeva primjenu SNP markera visoke gustoće, kao i unapređivanje informatičkog pristupa u toj oblasti.

U dosadašnjim istraživanjima na crnogorskim populacijama ovaca fokus je bio uglavnom na morfološkoj karakterizaciji, dok je genetička karakterizacija bila ograničena samo na diverzitet pojedinih gena ili markera i samo za pojedine rase i populacije ovaca. Sveobuhvatnom genetičkom karakterizacijom svih crnogorskih rasa i populacija ovaca primjenom SNP markera visoke gustoće došlo bi se do relevantnih i međunarodno uporedivih parametara genetičkog diverziteta u crnogorskom ovčarstvu (efektivnoj veličini populacije i stepenu ugroženosti, nivou inbridinga i introgresije, stvarnom genetičkom diverzitetu i strukturi populacija, kao i o genomskom opisu rasa za duže vremensko razdoblje).

Dobijeni parametri genetičkog diverziteta omogućili bi kreiranje adekvatnog odgajivačkog programa i implementaciju Programa održivog korišćenja i očuvanja genetičkih resursa u stočarstvu, što bi, takode, bilo osnova za priznavanje samih rasa i znatno bolju promociju tradicionalnih proizvoda. U konačnom, istraživanje u ovom pravcu dalo bi doprinos održivom razvoju ukupne ovčarske proizvodnje u Crnoj Gori.

### Pregled istraživanja

Posljednje dvije decenije razvile su se brojne metode molekularne genetike. Ove molekularne metode omogućavaju uključivanje molekularnih markera u mnogim oblastima, kao i u istraživanjima u stočarstvu, pri čemu postaju svestrano oruđe u analizi genetičke varijabilnosti životinja.

Upotreba molekularnih markera danas omogućava upoznavanje genoma životinje u velikoj mjeri ili u potpunosti. Zahvaljujući genetičkim markerima moguća je izgradnja genskih mapi (karti), otkrivanje nosilaca nasljednih bolesti, proučavanje filogeneze, sprovođenje odgajivačko-seleksijskih programa itd. (Ivanković, 2005).

Ubrzan razvoj tehnika i primjena brojnih molekularnih markera omogućilo je direktno proučavanje i kvantificiranje genetičkog diverziteta, dobijanje preciznih rezultata genetičkih varijacija između i unutar rasa, populacija i jedinki na nivou DNK (Eusebi i sar., 2020, Kawęcka i sar., 2016).

U savremenim istraživanjima genetička karakterizacija (genotipizacija) animalnih genetičkih resursa pomoću odabranih marker sistema osnova je za uključivanje molekularno-genetičkih informacija u strategiju očuvanja i upravljanja animalnim genetičkim resursima (Ivanković, 2005, Kawęcka i sar., 2016).

Mikrosateliti su jedan od često korišćenih markera, koje su otkrili Weber i May (1989), a krajem 90-ih godina bili su među najpopularnijim tipovima markera u studijama genetičke karakterizacije (Lenstra i sar., 2012). Mikrosatelite je moguće koristiti zbog njihove izrazite polimorfnosti. Brojna istraživanja genetičkog diverziteta populacija ovaca sprovedena su primjenom ovih markera. Činkulov i sar. (2008) proučavali su genetički diverzitet ovaca iz skupine pramenki na prostoru Balkanskog poluostrva primjenom mikrosatelit markera i mtDNK i utvrdili da postoje dvije materinske linije i u okviru populacije pramenke više rasa ovaca.

Brzi napredak u razvoju i primjeni nove generacije sekvenciranja (engl. *Next Generation Sequencing - NGS*) u posljednjih desetak godina, zajedno sa unapređivanjem informatičke podrške toj oblasti, omogućio je korišćenje naprednih marker sistema. Primjena ove tehnologije značajno je povećala dostupnost genskih informacija koje su smještene na nizovima pojedinačnih nukleotida (engl. *Single Nucleotide Polymorphism - SNPs*) ili sekvenciranje cijelog genoma (engl. *Whole Genome Sequencing - WGS*), ciljanim sekvencama DNK i RNK (Dunislawska i sar., 2017, Eusebi i sar., 2020, Bruford i sar., 2015, Kawęcka i sar., 2016, Toro i sar., 2009). SNP markeri imaju očigledne prednosti u genetičkoj karakterizaciji u odnosu na mikrosatelite, prije svega posjeduju veću informativnost. Takođe, primjena ovih makera omogućila je skraćivanje vremena sekvenciranja i smanjenje troškova istraživanja (Bruford i sar., 2015, Kawęcka i sar., 2016). Za identifikaciju fragmenata koriste moderne metode/platforme, koje se u širokoj upotrebi u centrima ili laboratorijama za sekvenciranje (*Illumina-bivši Soleka, HiSeq, Roche, Applied Biosystems SOLiD™ System*).

Razvojem novih generacija sekvenciranja, za analizu genetičke varijabilnosti i strukture populacija ovaca u različitim dijelovima svijeta dominantno se primjenjuju SNP markeri visoke gustoće, od 50 do 600K SNP. Primjena SNP čipova srednje i velike gustoće prvo je otpočela kod goveda 2008. godine, a zatim kod ostalih vrsta životinja - svinja, ovaca, konja, koza. SNP markeri domaćih vrsta stoke mogu se koristiti u istraživanjima drugih srodnih vrsta životinja (Bertolini i sar., 2017, Bruford i sar., 2015). Analiza genoma ovaca sprovodi se pomoću Ovine SNP50-600K BeadChip koji je razvijen od strane Internacionalnog konzorcijuma za genetiku ovaca (engl. *International Sheep Genomics Consortium - ISGC*), Kawęcka i sar. (2016).

SNP paneli visoke gustoće predstavljali su značajnu alatku u istraživanju genetičke raznolikosti, strukture populacije, otkrivanje velikog broja lokusa i identifikovanje povezanosti sa proizvodnim osobinama i / ili bolestima životinja, praćenje istorije populacije i mapiranje genomskih regiona, analiza biodiverziteta (Bertolini i sar., 2017, Kijas i sar., 2009, Bruford i sar., 2015, Kawęcka i sar., 2016, Zhao i sar., 2017, Edea i sar., 2017, Toro i sar., 2009). Rezultati genetičke karakterizacije brojnih rasa ovaca iz svih dijelova svijeta, dobijeni na osnovu SNP markera, objavljeni su i dostupni u HapMap bazi podataka.

Genetička karakterizacija na bazi SNP markera visoke gustoće važna je za uspostavljanje genomske selekcije i poboljšanje strategija odgajivanja rasa ovaca (Edea i sar., 2017, Kawęcka i sar., 2016). To je pokazalo istraživanje u SAD gdje su Davenport i sar. (2019) sproveli genotipizaciju Ovine SNP50 BeadChip-om radi ispitivanja genetičkih odnosa između rasa ovaca, da bi se podaci uključili u strategije selekcije. Određivanje genetičkog diverziteta i stukture rase sproveli su Zhang i sar. (2013) takođe na američkim rasama ovaca - Suffolk, Rambouillet, Columbia, Polypay i Targhee. Ovo istraživanje je sprovedeno radi uključivanja podataka u genomsku selekciju i dobijanja smjernica u stvaranju nove rase.



Istraživanje *Al-Mamun i sar. (2015)* pokazalo je visok stepen diverziteta australijskih rasa ovaca na osnovu parametara ( $H_o$ ,  $H_e$ ,  $ROH$ ,  $F_{st}$ ,  $LD$ ) dobijenih genotipizacijom na bazi SNP50K markera, posebno kod merino rase. *Grasso i sar. (2014)* uradili su karakterizaciju genetičkog diverziteta, identifikovali rase i detektovali strukturu populacije za tri rase ovaca Corriedale, Merino i Creole koristeći Illumina Ovine SNP50 beadchip u genotipizaciji.

Velika brojnost i diverzitet autohtonih populacija ovaca u Kini utvrđen proučavanjem genetičkog diverziteta preko 1.000 kineskih ovaca korišćenjem SNP čipa, mitohondrijske DNK i Y-hromozoma dovode se u vezu sa tradicionalnim nomadskim načinom života (*Zhao i sar. 2017*). Praćenje načina evolucije, genetičkog diverziteta, stukture populacije kineskih rasa ovaca sproveli su *Yang i sar. (2016)* na 77 izvornih rasa ovaca i tri divlje rase na osnovu SNP markera radi razumijevanja genetičkih mehanizama za brzu adaptaciju na ekstremne uslove okoline.

*Edea i sar. (2017)* odredili su genetičku raznolikost rasa ovaca koje se gaje u Etiopiji, korišćenjem Ovine HD SNP BeadChip visoke gustoće 600K.

Istraživanjima *Deniskova i sar. (2019)* po prvi put je urađena procjena genetičkog diverziteta lokalnih rasa ovaca u Kirgistanu. Za te potrebe utvrđeni su sljedeći parametri: veličina ROH segmenata, efektivna veličina populacije, i određena je analiza miješanja rase. Dobijeni SNP profili upoređivani su sa globalnim (evropskim, azijskim i jednom američkom) rasama ovaca.

Analizom genetičke strukture ovaca markerima visoke gustoće (oko 600K SNP markera) u Francuskoj identifikovana su dva glavna porijekla rasa ovaca (*Rochus i sar., 2018*). Korišćenjem istog marker sistema određena je struktura populacije pet autohtonih švedskih rasa ovaca i izvršeno je njihovo poređenje sa pojedinim evropskim i azijskim rasama, pri čemu je izvršeno grupisanje po geografskom porijeklu (*Rochus i sar., 2020*).

*Ciani i sar. (2015)* su u regionalnoj studiji objavili preliminarne rezultate filografske strukture dobijene genotipizacijom Illumina OvineSNP50 čipom. U istraživanja su bile direktno uključene rase iz grupe pramenke iz Slovenije, Hrvatske, Bosne i Hercegovine, Crne Gore, Makedonije i Češke Republike.

U posljednjih desetak godina u Crnoj Gori rađena je ponovna morfometrijska (fenotipska) karakterizacija za rase koje su obuhvaćene Programom očuvanja. Fenotipskom karakterizacijom sagledane su promjene koje su se vremenom desile na populacijama. Napredovanjem metoda molekularne genetike javila se potreba za utvrđivanjem različitost između rasa na genetičkom nivou, tj. za genetičkom karakterizacijom rasa i u Crnoj Gori.

Rad na genetičkoj karakterizaciji crnogorskih rasa i populacija ovaca do sada je bio dosta skroman. Genetička karakterizacija rađena je samo za pojedine rase ili za pojedine gene koji su vezani za neku proizvodnu osobinu. Proučavanje polimorfizma gena beta laktoglobulina i kappa kazeina realizovano je za tri crnogorske rase ovaca (*Marković i sar., 2015*, *Đokić i sar., 2019*). Genetička karakterizacija na bazi 8 mikrosatelit markera i mtDNK rađena je samo za jezeropivsku pramenku u okviru regionalnog projekta (*Činkulov i sar., 2008*).

S obzirom da do sada nije bilo prilike da se uradi sveobuhvatna genetička karakterizacija svih rasa i populacija ovaca u Crnoj Gori primjenom nove generacije - SNP markera visoke gustoće, realizacija ovakvih istraživanja predstavljala bi širenje spektra naučnoistraživačkih aktivnosti kod nas.

#### Cilj i hipoteze

Opšti cilj istraživanja je da se uradi genetička karakterizacija populacija sedam autohtonih rasa ovaca u Crnoj Gori: jezeropivska pramenka, bardoka, sora, zetska žuja, piperska žuja, ljaba i sjenička rasa. Genetička karakterizacija i struktura crnogorskih populacija ovaca obavila bi se primjenom danas najrelevantnijih SNP markera visoke gustoće (OvineSNP 50K Bead chip).

#### Ciljevi istraživanja su da se odredi:

1. Genetička varijabilnost i genetička raznolikost (diverzitet) unutar i između proučavanih rasa ovaca.
  - određivanje Hardy-Weinbergove ravnoteže (ekvilibrijuma), očekivana heterozigotnost - expected heterozygosity ( $H_e$ ) i dobijena heterozigotnost - observed heterozygosity ( $H_o$ ), efektivna veličina populacije ( $N_e$ ), identifikacije nizova homozigotnosti (*regions of homozygosity* -  $ROH$ ), izračunavanje koeficijent inbridinga ( $F_{is}$ ) na osnovu očekivane heterozigotnosti ili  $ROH$  analize ( $F_{ROH}$ ), izračunavanje frekvencije minor alela, specifičnih

SNP gena, bogatstvo alela,

3. Genetički odnosi (distance) unutar i između crnogorskih populacija ovaca, kao i odnosi tih rasa i rasa sa drugih prostora.

- analiza molekularne varijanse (AMOVA), fiksacijski indeks -  $F_{st}$ , analiza glavnih komponenti (Principal Component Analysis - PCA).

4. Struktura populacije crnogorskih rasa ovaca radi jasne genetičke diferencijacije rasa, odnosno da bi se utvrdilo stvarno pripadanje rasi.

- STRUCTURE analiza, ADMIXTURE analiza, analiza glavnih komponenti (Principal Component Analysis - PCA), fiksacijski indeks -  $F_{st}$ , sadržaj informacija o polimorfizmu (Polymorphism Information Content - PIC), neravnoteža vezanosti (Linkage disequilibrium - LD).

5. Genomsko pozicioniranje crnogorskih rasa u odnosu na rase sa kojima su se miješale i/ili koje su učestvovala u njihovom stvaranju (virtemberg, cigaja, romanovska, istočno-frizijska, avasi).

Svi dobijeni parametri treba da budu osnova za uspostavljanje adekvatne strategije očuvanja i održivog korišćenja autohtonih populacija ovaca, posebno ako se ima u vidu da su neke od njih veoma malobrojne i u riziku od nestanka.

**Polazne hipoteze su slijedeće:**

H0: Nema genetičkih razlika između i unutar proučavanih rasa i populacija, tj. niska genetička diferencijacija.

H1: Utvrđeno postojanje genetičkog diverziteta unutar pojedinih populacija ovaca, odnosno da su sve one u HWE.

H2: Nivo genetičke diferencijacije između proučavanih populacija ovaca opravdava da imaju status rasa.

H3: Struktura populacije crnogorskih rasa ovaca pokazuje introgresiju – uticaj rasa ovaca iz drugih zemalja.

**Materijali, metode i plan istraživanja**

Predmet istraživanja je 7 rasa ili populacija ovaca: jezeropivska pramenka, zetska žuja, bardoka, ljaba, piperska žuja, sora i sjenička rasa koje se gaje u različitim regionima Crne Gore.

Istraživanje obuhvata proučavanje literaturnih izvora, rad na terenu (odabir stada i prikupljanje uzoraka tkiva), rad u domaćim i inostranim laboratorijama i statističku obradu molekularno-genetičkih podataka.

Na osnovu proučavane literature, tj. rezultata do kojih su došli drugi autori, postavlja se koncept, odabiraju pouzdane metode, način obrade podataka i prikazivanje dobijenih rezultata istraživanja.

**Pri odabiru stada** iz kojih potiču životinje od koji će uzimati uzorci tkiva i krvi uzeće se u obzir geografska lokacija sa koje potiču, proizvodni sistem, zatim porijeklo i sl. Odabraće se stada koja se gaje u tipičnim proizvodnim područjima ili područjima koja su najbliža izvornoj lokaciji razvoja i gajenja rase. Prema preporukama FAO (2011), da bi uzorci bili reprezentativni odabrane životinje biće tipični predstavnici rase, neće biti u srodstvu i biće nasumično odabrane iz više stada. Uzorkovaće se manje od 10% populacije na jednom mjestu ili selu. Sakupiće se od 30 do 40 uzoraka krvi ili drugog tkiva od svake rase.

Nakon odabira stada pristupiće se sakupljanju uzoraka biološkog materijala - krvi ili isječka ušne školjke od proučavanih ovaca radi ekstrakcije (izolacije) genomske DNK. Uzimanje uzoraka krvi iz jugularne vene ovaca obavice nadležni terenski veterinar. Za ovu svrhu koristiće se odgovarajuće sterilne igle, vakuumtajneri i epruvete sa EDTA konzervansom. Uzeti uzorci će na ledu biti transportovani do laboratorije i do sprovođenja izolacije DNK će biti čuvani na temperaturi od + 4°C.

Druga vrsta uzoraka - dio ušne školjke uzimaće se pomoću specijalnih kliješta. Kliješta se koriste zajedno sa specijalnim tubicama za direktno skladištenje uzoraka tkiva, što znatno olakšava proceduru uzorkovanja. Svi uzorci se uzimaju u duplikatu (paralelke).

Pouzdanost uzoraka, provjera koncentracije i čistoće, ocijeniće se nakon probne ekstrakcije DNK.

Prva faza u laboratoriji je **ekstrakcija (izolacija) genomske DNK**, koja će se obaviti u Laboratoriji za

molekularnu genetiku u stočarstvu na Biotehničkom fakultetu.

Ekstrakcija DNK vršice se na dva načina – primjenom organskih rastvarača (fenol-hloroform metoda) i korišćenjem komercijalnih kitova - *DNeasy Blood & Tissue Kit (Qiagen, Germany)* za 250 uzoraka. Dvojni način ekstrakcije će se primjenjivati ukoliko bude bilo potrebe, jer je pri sekvenciranju HD SNP chip-om potrebna visoka koncentracija DNK (preko 50ng/μl) u količini od minimalno 50 μl, sa čistoćom A260/280 koja treba da bude 1,5 - 1,8.

**Genotipizacija** pomoću **Ovine SNP50K BeadChip-a** ili **Ovine Infinium HD BeadChip (Illumina, San Diego, CA, United States)** za oko 210 uzoraka obavice se u inostranstvu zbog opreme kojom raspolažu jedino specijalizovane laboratorije. DNK uzorci će se prema uputstvima pripremati i slati nekoj od Illumina laboratorija u Evropi ili Kini.

**Statistička obrada podataka** - predviđeno je da se analiza sekvenci uradi na Agronomskom fakultetu u Zagrebu. Nakon obavljenih laboratorijskih analiza za obradu molekularno-genetičkih podataka koristiće se specifični bionformatički softveri. Nakon dobijanja rezultata sekvenciranja, formiraće se baze podataka. Jednu bazu čine sekvence crnogorskih populacija ovaca, a druga uključuje javno dostupne sekvence drugih rasa ovaca koje su ukrštane ili su učestvovala u stvaranju autohtonih crnogorskih ovaca (virtemberg, cigaja, romanovska, cigaja, istočno-frizijska, avasi). Po rasi će se uzeti oko 30 uzoraka – podataka. Javno su dostupni podaci HapMap baze koju vodi Internacionalni konzorcijum za genetiku ovaca (*ISGC*), kao i podaci Nacionalnog centra za informacije u biotehnologiji (engl. *National Center for Biotechnology Information - NCBI*).

U statističkom programu je prvo potrebno uraditi čišćenje SNP-ova s niskom frekvencijom rjedih alela, onih koji odstupaju od Hardy-Weinbergove ravnoteže i onih koji pokazuju visoku neravnotežu vezanosti (LD), jer mogu uticati na rezultate. Dakle, podaci nakon genotipizacije obradiće se spajanjem platformi u SNP i Variation Suite v.8.5.0. programu.

SNP and Variation Suite v.8.5.0 program, PLINK ili program R (*diveRsity*) koristiće za određivanje intrapopulacijskog i interpopulacijskog diverziteta,  $H_o$ ,  $H_e$ ,  $N_e$ ,  $A_r$ ,  $F_{st}$ , frekvencije minornih gena, analiza glavnih komponenti (PCA), odstupanja od Hardy-Weinbergove ravnoteže (HWE) i ROH.

Filogenetski odnosi (genetičke distance) analiziraće se korištenjem mreže NeighborNet, odnosno konstruisaće se Neighbor-joining stablo pomoću softvera SplitsTree4, zatim Admixture v1.3 za utvrđivanje genetičkog miješanja.

Program STRUCTURE v.2.3.4. koristiće se za prezentovanje genetičke strukture populacija i ocjenu stvarnog broja populacija ili rasa.

#### Očekivani naučni doprinos

Ovim istraživanjem obavila bi se cjelokupna genetička karakterizacija autohtonih rasa/populacija ovaca, koja do sada nije rađena na vrstama domaćih životinja na prostoru Crne Gore. Na Biotehničkom fakultetu u sklopu laboratorije za Molekularnu genetiku u stočarstvu primjenjuju se osnovne molekularne tehnike, što ukazuje da ima mogućnosti da se neke laboratorijske metode usavrše za buduća istraživanja. Takođe, važan doprinos rezultati mogu imati pri uvođenju i usavršavanju softverskih programa za obradu molekularnih podataka.

S obzirom da je do sada genetička karakterizacija crnogorskih rasa i populacija ovaca bila djelimičnog obuhvata, tj. rađena je samo za pojedine rase ili za pojedine gene koji su vezani za neku proizvodnu osobinu, i primjena SNP markera u genomskim istraživanjima u Crnoj Gori predstavljala bi veliki naučni iskorak. Ovo istraživanje otvorilo bi nove istraživačke mogućnosti i omogućilo da budemo u korak sa najrazvijenijim istraživačkim centrima u ovoj oblasti, kao i saradnju sa srodnim institucijama. Korišćenje SNP markera visoke gustoće u budućnosti moglo bi da se sprovede i na drugim vrstama domaćih životinja koje se gaje na teritoriji Crne Gore (konji i magarci, koze, goveda). Buduća istraživanja mogla bi se usmjeriti na ispitivanje zajedničkih – regionalnih autohtonih rasa (jedna rasa sa više varijeteta u susjednim državama).

Dobijeni rezultati genetičke karakterizacije biće od značaja za Crnu Goru i njene institucije koje se bave ukupnim biodiverzitetom, a bili bi i važna alatka u sprovođenju Programa održivog korišćenja i očuvanja genetičkih resursa u stočarstvu.

Očuvanjem rasa daje se važan doprinos očuvanju crnogorske tradicije putem proizvodnje

tradicionalnih mliječnih proizvoda (sira, skorupa, jarduma i dr.) i jagnječeg mesa. Ovo istraživanje pružilo bi doprinos održivom razvoju ukupne ovčarske proizvodnje u Crnoj Gori.

U naučnim krugovima primjena SNP markera smatra se najrelevantnijom metodom genotipizacije. Istraživanje na autohtonim/lokalnim rasama širom svijeta je predmet interesovanja brojnih istraživača (Ciani i sar., 2015, Deniskova i sar., 2019, Kijas i sar., 2012, Zhang i sar., 2013, Kawęcka i sar., 2016, Edea i sar., 2017, Rochus i sar., 2020, Toro i sar., 2009, Bertolini i sar., 2017, Edea i sar., 2017).

#### Spisak objavljenih radova kandidata

Dokić, M., Marković, B., Marković, M., Mirecki, S., Veljić, M. (2019): Relationship between  $\beta$ -lactoglobulin gene polymorphism and milk traits and milk composition of Sora sheep breed. International Symposium on Animal Science (ISAS), Herceg Novi, Crna Gora.

Dokić, M. (2014): Mogućnost primjene dobre poljoprivredne prakse u zaštiti zemljišta u Crnoj Gori. Zbornik radova/ 7 naučno-stručni skup "Studenti u susret nauci", Univerzitet Banja Luka, Bosna i Hercegovina.

#### Popis literature

(do 30 referenci)

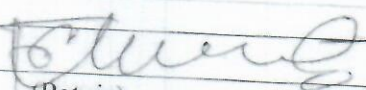
1. Ajmone-Marsan, P., Garcia, J.F., Lenstra, J.A. and The Globaldiv Consortium (2010): On the Origin of Cattle: How Aurochs Became Cattle and Colonized the World. *Evolutionary Anthropology* 19:148–157.
2. Al-Mamun, H.A., Clark, S., Kwan, P. and Gondro, C. (2015): Genome-wide linkage disequilibrium and genetic diversity in five populations of Australian domestic sheep. *Genet Selection Evolution* 47:90. 2-14.
3. Bertolini, F., Elbeltagy, A. and Rothschild, M. (2017): Evaluation of the application of bovine, ovine and caprine SNP chips to dromedary genotyping. *Livestock Research for Rural Development*. Volume 29, Article 31.
4. Bruford, M.W., Ginja, C., Hoffmann, I., Joost, S., Orozco-terWengel, P., Alberto, F.J., Amaral, A.J., Barbato, M., Biscarini, F., Colli, L., Costa, M., Curik, I. et al.(2015): Prospects and challenges for the conservation of farm animal genomic resources,2015-2025. *Livestock Genomics*, a section of the journal *Frontiers in Genetics*.
5. Ciani, E., Cubire-Curik, V., Simčić, M., Marković, B., Esmerov, I., Ružić-Muslić, D., Štěpánek, O., Pieragostini, E., Sallustio, F., Arjen Lenstra, J. (2015): Genetic structure and admixture in Western Balkans and Central European sheep: preliminary results from 50K SNP genotypic data. *Italian Journal of Animal Science*; vol.14:s1, 104-105.
6. Činkulov, M., Popovski, Z., Porcu, K., Tanaskovska, B., Hodžić, A., Bytyqi, H., Mehmeti, H., Margeta, V., Djedović, R., Hoda, A., Trailović, R., Brka, M., Marković, B., Vazić, B., Vegara, M., Olsaker, I. & Kantanen, J. (2008): Genetic diversity and structure of the West Balkan Pramenka sheep types as revealed by microsatellite and mitochondrial DNA analysis *J. Anim. Breed. Genet.* ISSN 0931-2668.
7. Davenport, K. M., Hiemke, C., McKay, S. D., Thorne, J. W., Lewis, R. M., Taylor, T. and Deniskova, T., Dotsev, A., Lushihina, E., Shakhin, A., Kunz, E., Medugorac, I., Reyer, H., Wimmers, K., Khayatzadeh, N., Sölkner, J., Sermyagin, A., Zhunushev, A., Brem, G. and Zinovieva, N. (2019): Population Structure and Genetic Diversity of Sheep Breeds in the Kyrgyzstan. *Front. Genet.* 10:1311.
8. Deniskova, T., Dotsev, A., Lushihina, E., Shakhin, A., Kunz, E., Medugorac, I., Reyer, H., Wimmers, K., Khayatzadeh, N., Sölkner, J., Sermyagin, A., Zhunushev, A., Brem, G. and Zinovieva, N. (2019): Population Structure and Genetic Diversity of Sheep Breeds in the Kyrgyzstan. *Front. Genet.* 10:1311.
9. Dunisławska, A., Lachmańska, J., Sławińska, A., Siwek, M. (2017): Next generation sequencing in animal science - a review. *Animal Science Papers and Reports* vol. 35 (2017) no. 3, 205-224.
10. Đokić, M., Marković, B., Marković, M., Mirecki, S., Veljić, M. (2019): Relationship between  $\beta$ -lactoglobulin gene polymorphism and milk traits and milk composition of sora

- sheep breed. International Symposium on Animal Science (ISAS), 100-105.
11. Edea, Z., Dessie, T., Dadi, H., Do, K-T. and Kim, K-S. (2017): Genetic Diversity and Population Structure of Ethiopian Sheep Populations Revealed by High-Density SNP Markers. *Front. Genet.* 8:218.
  12. Eusebi, P.G., Martinez, A. and Cortes, O. (2020): Genomic Tools for Effective Conservation of Livestock Breed Diversity. *Diversity*, 12, 8; 2-16.
  13. FAO (2015): The Second Report on the State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture, edited by B.D. Scherf & D. Pilling. FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture Assessments, Rome.
  14. Grasso, A. N., Goldberg, V., Navajas, E.A., Iriarte, W., Gimeno, D., Aguilar, I., Medrano, J.F., Rincón, G. and Ciappesoni, G. (2014): Genomic variation and population structure detected by single nucleotide polymorphism arrays in Corriedale, Merino and Creole sheep. *Genetics and Molecular Biology*, 37, 2, 389-395.
  15. Groeneveld, L.F., Lenstra, J.A., Eding, H., Toro, M.A., Scherf, B., Pilling, D., Negrini, R., Finlay, E.K., Jianlin, H., Groeneveld, E., Weigend, S. and The Globaldiv Consortium (2010): Genetic diversity in farm animals-a review. *Animal Genetics* 41:6-31.
  16. Ivanković, A. (2005): Uporaba molekularne genetike u animalnoj proizvodnji. Pregledni članak- Review (121) *Stočarstvo* 59: (2). 121-144.
  17. Kawęcka, A., Gurgul, A., Miksza-Cybulska, A. (2016): The use of SNP microarrays for biodiversity studies of sheep – a review\*. *Ann. Anim. Sci.*, Vol. 16, No. 4 (2016) 975–987.
  18. Kijas, J. W., Townley, D., Dalrymple, B. P., Heaton, M. P., Maddox, J. F., McGrath, A., et al. (2009): A genome wide survey of SNP variation reveals the genetic structure of sheep breeds. *PLOS ONE* 4:e4668.
  19. Lenstra, J.A., Groeneveld, L.F., Eding, H., Kantanen, J., Williams, J.L., Taberlet, P., Nicolazzi, E.L., Sölkner, J., Simianer, H., Ciani, E., Garcia, J.F., Bruford, M.W., Ajmone-Marsan, P., Weigend, S. (2012): Molecular tools and analytical approaches for the characterization of farm animal genetic diversity. *Animal Genetics*. 43, 483–502.
  20. Marković, B., Ivanković, A., Mirecki, S., Marković, M (2015): Genetic polymorphism of beta – lactoglobulin in the three sheep breeds in Montenegro. International symposium on animal science, 09-11.09.2015. Novi Sad, Serbia Proceeding, ISBN: 978-86-7520-346-9.
  21. Marković, B., Marković, M., Adžić, N. (2007): The farm animal genetic resources of Montenegro. *Biotechnology in Animal Husbandry* 23 (3-4) ISSN 1450-9156, Institute for Animal Husbandry, Belgrade-Zemun, 1-9.
  22. Marković, B., Marković, M., Adžić, N. (2020): Genetički resursi u stočarstvu Crne Gore. Monografija. Crnogorska akademija nauka i umjetnosti.
  23. Marković, B., Marković, M., Radonjić, D., Veljić, M. (2011): Sustainable sheep and goat production based on the local breeds in Montenegro.
  24. Medugorac, I., Medugorac, A., Russ, I., Veit-kensch, C.E., Taberlet, P., Luntz, B., Mix, H.M., Förster, M. (2009): Genetic diversity of European cattle breeds highlights the conservation value of traditional unselected breeds with high effective population size. *Mol Ecol.* 2009.
  25. Rochus, C.M., Jonas, E. and Johansson, A.M. (2020): Population structure of five native sheep breeds of Sweden estimated with high density SNP genotypes. *BMC Genetics*. 21:27.
  26. Rochus, C.M., Tortereau, F., Plisson-Petit, F., Restoux, G., Moreno-Romieux, C., Tossier-Klopp, G. and Servin, B. (2018): Revealing the selection history of adaptive loci using genome-wide scans for selection: an example from domestic sheep. *BMC Genomics* 19:71.
  27. Toro, M.A., Fernández, J., Caballero, A., (2009): Molecular characterization of breeds and its use in conservation. *Livestock Science* 120 (2009) 174–195.
  28. Yang, J., Li, W.R., Lv, F.H., He, S.H., Tian, S.L., Peng, W.F., Sun, Y.W., Zhao, Y.X., Tu, X.L., Zhang, M., Xie, X.L., Wang, Y.T., Li, J.Q., Liu, J.G., Shen, Z.Q., Wang, F., Liu, G.J., Lu, H.F., Kantanen, J., Han, J.L., Li, M.H. and Lin, M.J. (2016): Wholegenome sequencing of native sheep provides insights into rapid adaptations to extreme environments. *Mol. Biol. Evol.* 33, 2576–2592.

29. Zeder, M.A. (2008): Domestication and early agriculture in the Mediterranean Basin: Origins, diffusion, and impact. Archaeobiology Program, National Museum of Natural History, Smithsonian Institution, Washington, DC 20013, vol. 105, no. 33, 11597–11604.
30. Zhang, L., Mousel, M.R., Wu, X., Michal, J.J., Zhou, X., et al. (2013): Genome-Wide Genetic Diversity and Differentially Selected Regions among Suffolk, Rambouillet, Columbia, Polypay, and Targhee Sheep. PLoS ONE 8(6): e65942.
31. Zhao, Y.X., Yang, J., Lv, F.H., Hu, X.J., Xie, X.L., Zhang, M., et al. (2017): Genomic reconstruction of the history of native sheep reveals the peopling patterns of nomads and the expansion of early pastoralism in East Asia. Mol. Biol. Evol. 34, 2380–2395.

**SAGLASNOST PREDLOŽENOG/IH MENTORA I DOKTORANDA SA PRIJAVOM**

Odgovorno potvrđujem da sam saglasan sa temom koja se prijavljuje.

Prvi mentor	Prof. dr Božidarka Marković	
Drugi mentor	(Ime i prezime)	
Doktorand	Mr Milena Đokić	(Potpis)


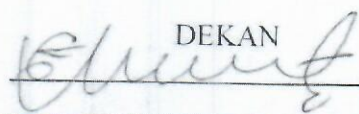
**IZJAVA**

Odgovorno izjavljujem da doktorsku disertaciju sa istom temom nisam prijavio/la ni na jednom drugom fakultetu.

U Podgorici,  
 04.09.2020.

Ime i prezime doktoranda  
 Mr Milena Đokić

### MENTORSTVO

<b>Kandidat: Ime i prezime</b>		Mr Milena Đokić		
<b>PREDLOŽENI MENTORI</b>				
	Titula, ime i prezime	Ustanova i država	Naučna oblast	
Prvi mentor	Prof. dr Božidarka Marković	Univerzitet Crne Gore, Biotehnički fakultet	Stočarstvo	
Drugi mentor				
Sjednica Vijeća organizacione jedinice na kojoj je izvršeno predlaganje mentora				
<b>KOMPETENCIJE MENTORA</b> (pet objavljenih radova u relevantnim časopisima)				
Prvi mentor	1 <b>Marković, B.</b> , Marković, M., Jovanović, S., Krajinović, M. (2009): Gene frequencies of caprine alpha s1 casein polymorphism in Montenegrin Balkan goat breed. Acta Veterinaria (Beograd), Vol. 59, No. 5-6, 613-619.			
	2 Mirecki, S., Tomić, D., Vučinić, S., Marković, M., <b>Marković, B.</b> (2017): Technology and quality of Skorup - traditional Montenegrin dairy product. Mljekarstvo 67 (3), 197-207			
	3 Ciani, E., Mastrangelo, S., Silva, A., Marroni, F., Ferenčaković, M., Marsan, P.A., Dovenski, T., Gorjane, G., ... <b>Markovic, B.</b> ...Curik, I., Cubric-Curik, V. and Johannes A. Lenstra (2020): On the origin of European sheep as revealed by the diversity of the Balkan breeds and by optimizing population-genetic analysis tools. Genetic, Selection and Evolution, Vol. 52, Issue 25.			
	4 <b>Božidarka Markovic</b> , Peter Dove, Milan Markovic, Dušica Radonjić, Mirjana Adakalic, and Mojca Simcic (2019): Differentiation of some Pramenka sheep breeds based on morphometric characteristics. Arch. Anim. Breed., 62, 393-402			
	5 <b>Božidarka Marković</b> , M. Marković, Dušica Radonjić, S. Mirecki, M. Veljić (2020): Factors Affecting Milk Yield and Composition of Indigenous Balkan Goat Breed Reared in Semi Extensive Conditions. Indian Journal of Animal research, Vol. 54, Issue 3.			
Drugi mentor	1			
	2			
	3			
	4			
	5			
<b>PODACI O MAGISTRANDIMA I DOKTORANDIMA</b>				
	Broj magistranada		Broj doktoranada	
	trenutno	ukupno	trenutno	ukupno
Prvi mentor	1	4	2	2
Drugi mentor				
<b>Datum i ovjera (pečat i potpis odgovorne osobe)</b>				
U (navesti grad), (navesti datum)				
Podgorica, 04.09.2020.				
			DEKAN 	

## GODIŠNJI IZVJEŠTAJ MENTORA O NAPREDOVANJU DOKTORANDA

Akademska godina za koju se podnosi izvještaj		2019/2020			
<b>OPŠTI PODACI O DOKTORANDU</b>					
Titula, ime, ime roditelja, prezime	Magistar Milena (Dragoje) Đokić				
Fakultet	Biotehnički fakultet				
Studijski program	Biotehnika				
Broj indeksa	2/19				
<b>MENTOR/MENTORI</b>					
Prvi mentor	Prof. dr Božidarka Marković	Univerzitet Crne Gore	Stočarstvo		
Drugi mentor					
<b>EVALUACIJA DOKTORANDA*</b>					
Koliko ste zadovoljni kvalitetom održanih susreta sa doktorandom?	1	2	3	4	X 5
	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
(Ako je prethodni odgovor „1“ ili „2“ dati obrazloženje i prijedloge za poboljšanje)					
Da li je definisan plan rada sa doktorandom?	<input checked="" type="checkbox"/> DA <input type="checkbox"/> NE				
Da li je doktorand ostvario napredak prema predviđenom planu rada?	<input checked="" type="checkbox"/> DA <input type="checkbox"/> NE				
(Ako je prethodni odgovor „ne“ dati obrazloženje i prijedloge za poboljšanje)					
Kvalitet napretka doktorandovog istraživačkog rada u periodu između dva izvještaja je:	1	2	3	4	X 5
	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
(Ako je prethodni odgovor „1“ ili „2“ dati obrazloženje i prijedloge za poboljšanje)					
Dati ocjenu doktorandove spremnosti za konsultacije.	1	2	3	4	X 5
	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
Dati ocjenu planiranja i izvršavanja godišnjih istraživačkih aktivnosti i stručnog usavršavanja doktoranda.	1	2	3	4	X 5
	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
Dati ocjenu napretka u savladavanju metodologije naučno-istraživačkog rada.	1	2	3	4	X 5
	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Dati ocjenu doktorandovog generalnog odnosa prema studijama.	1	2	3	4	X 5
	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
Dati ocjenu ukupnog kvaliteta doktorandovog rada.	1	2	3	4	X 5
	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
(Ako je prethodni odgovor „1“ ili „2“ dati obrazloženje i prijedloge za poboljšanje)					
<b>SAGLASNOST ZA NASTAVAK STUDIJA</b>					

\*Ocjene su: 1 – nedovoljan, 2 – dovoljan, 3 – dobar, 4 – vrlo dobar, **5 – odličan**



Može li doktorand nastaviti studije?

- Da  
 Da, uz određene uslove  
 Ne

(Ako je prethodno dat odgovor pod „b)“ ili „c)“ dati obrazloženje i prijedloge za poboljšanje)

**Napomene**

Doktorand Milena Đokić je u prethodnom periodu položila sve ispite predviđene doktorskim studijama Biotehnika sa prosječnom ocjenom preko 9,7. Tokom prve godine studija obavila je opsežno prikupljanje literature i definisanje istraživačke oblasti za izradu doktorske disertacije. U prvoj godini obavljen je dio preliminarnih – polaznih istraživanja koja se odnose terenski rad koji se sastojao u obilasku i odabir farmi i grla koja su tipični predstavnici pojedinih rasa i populacija ovaca koje se žele proučavati, zatim uzorkovanje biološkog materijala (po 50 uzoraka krvi po svakoj rasi / populaciji ovaca) radi genomskih analiza. Nakon prikupljanja uzoraka krvi i pravljenja baza podataka za uzorke u laboratoriji je uspostavljena metodologija i izvršena ekstrakcija DNK, prilagođena koncentracija i čistoća genomske DNK koje su neophodne za primjenu tehnika nove (sljedeće) generacije sekvenciranja - SNP 50K Beadchipsa.

Za potrebe pripreme prijave disertacije i osmišljavanja cijelog istraživanja ostvarena je intenzivna međunarodna komunikacija posebno sa kolegama sa Agronomskog fakulteta u Zagrebu, koji će vjerovatno biti uključeni u narednim fazama izrade pa i odbrane doktorske disertacije.

**IZJAVA MENTORA**

Nakon položenih ispita, prikupljene literature, doktorand mr Milena Đokić je veoma dobro proučila sve dostupne literaturne izvore koji su relevantni za odabranu oblast i tematiku istraživanja.

U koordinaciji sa mentorom definisan je cilj i hipoteza, metodologija rada i naučni doprinos istraživanja.

U prethodnom periodu osim položenih ispita i odabrane metodologije rada, uradila je i početni – preliminarni dio istraživanja za doktorsku disertaciju.

Dosada prikupljena literaturna iskustva i ostvarena međunarodna komunikacija saiskusnim istraživačkim timovima daje joj dobru osnovu za nastavak istraživanja. Očekuje se da će do kraja ove kalendarske godine pripremiti sve uzorke genomske DNK radi slanja u referentnu laboratoriju (Illumina) radi sekvenciranja.

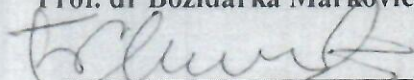
U dosadašnjem radu doktorand mr Milena Đokić je ispunila sve pretpostavke za kvalitetan nastavak rada na istraživanjima koja se odnose na njenu doktorsku disertaciju.

U Podgorici,  
04.09.2020.

Crna Gora  
UNIVERZITET CRNE GORE  
BIOTEHNIČKI FAKULTET

Brod: 07-2955  
Podgorica, 07.09.2020. god.

Ime i prezime prvog mentora  
**Prof. dr Božidarka Marković**



Ime i prezime drugog mentora

\_\_\_\_\_

\_\_\_\_\_

**Prilog dokumenta sadrži:**

- Gantogram aktivnosti (za prvi izvještaj mentora)

Prilog dokumenta sadrži:

- Gantogram aktivnosti za prvu godinu studija

Aktivnosti	Nov. 2019.	Dec. 2019.	Jan. 2020.	Feb. 2020.	Mar. 2020.	Apr. 2020.	Maj 2020.	Jun 2020.	Jul 2020.	Aug. 2020.	Sep. 2020.
1. Obavezni predmet I											
2. Obavezni predmet II											
3. Obavezni predmet III											
4. Izborni predmet I											
5. Izborni predmet II											
6. Obilazak farmi i odabir grla											
8. Sakupljanje uzoraka krvi i ekstrakcija DNK											
8. Samostalni rad na izučavanju tematike i planiranju istraživanja											