

30.06.2023.	
18/3.505/2023	

Образац - 1

УНИВЕРЗИТЕТ У БАЊОЈ ЛУЦИ
ФАКУЛТЕТ:



ИЗВЈЕШТАЈ КОМИСИЈЕ

о пријављеним кандидатима за избор наставника и сарадника у звање

I. ПОДАЦИ О КОНКУРСУ

Одлука о расписивању конкурса, орган и датум доношења одлуке: Број одлуке 02/04-3.907-38/23, Сенат Универзитета у Бањој Луци, 27.04.2023. године.
Ужа научна/умјетничка област: Хумана генетика
Назив факултета: Медицински
Број кандидата који се бирају 1
Број пријављених кандидата 1
Датум и мјесто објављивања конкурса: 17.05.2023. године, дневни лист „Глас Српске“ и веб страница Универзитета у Бањој Луци
Састав комисије: а) Др Стојко Видовић, редовни професор, ужа научна област Хумана генетика, Медицински факултет, Универзитет у Бањој Луци, предсједник; б) Др Лејла Појскић, редовни професор, ужа научна област Биотехнологија, Природно-математички факултет, Универзитет у Сарајеву, члан; в) Др Вања Видовић, доцент, ужа научна област Хумана генетика, Медицински факултет, Универзитет у Бањој Луци, члан.

Пријављени кандидати

1. Ирина Миловац

Први кандидат

а) Основни биографски подаци :

Име (име оба родитеља) и презиме:	Ирина (Недељко и Вишња) Миловац
Датум и мјесто рођења:	17.06.1978., Бања Лука
Установе у којима је био запослен:	- Медицински факултет, Универзитет у Бањој Луци
Радна мјеста:	- Сарадник у звању асистента - Сарадник у звању вишег асистента
Чланство у научним и стручним организацијама и удружењима:	- Удружење Генетичара Босне и Херцеговине

б) Дипломе и звања:

Основне студије	
Назив институције:	Природно-математички факултет, Универзитет у Бањој Луци
Звање:	Дипломирани биолог
Мјесто и година завршетка:	Бања Лука, 2008. година
Просјечна оцјена из цијелог студија:	8,75
Постдипломске студије:	
Назив институције:	Природно-математички факултет, Универзитет у Сарајеву
Звање:	Магистар биолошких наука
Мјесто и година завршетка:	Сарајево, 2012. година
Наслов завршног рада:	Анализа улоге хондроитин сулфат протеогликана типа 3(CSPG 3) у биологији шизофреније
Научна/умјетничка област (подаци из дипломе):	Биолошке науке, смјер Генетика
Просјечна оцјена:	10,00
Докторске студије/докторат:	
Назив институције:	Природно-математички факултет,

	Универзитет у Бањој Луци
Мјесто и година одбране докторске дисертације:	Бања Лука, 2017. година
Назив докторске дисертације:	Идентификација и карактеризација генетичких полиморфизама асоцираних са синдромом иритабилног колона
Научна/умјетничка област (подаци из дипломе):	Биолошке науке
Претходни избори у наставна и научна звања (институција, звање, година избора)	- Медицински факултет, Универзитет у Бањој Луци, асистент, 2008. година - Медицински факултет, Универзитет у Бањој Луци, виши асистент, 2012. година

в) Научна/умјетничка дјелатност кандидата

Радови прије посљедњег избора/реизбора

(Навести све радове сврстане по категоријама из члана 19. или члана 20.)

Оригинални научни рад у научном часопису националног значаја.....(6 бодова)

1. Васић, З, Видовић, С, **Вулић И**, Шњегота Д, Шушчевић Д, Бојић Н, Барош И. Компаративна анализа антропометријских параметара ученика основних школа урбаног и руралног подручја регије Добој. Гласник антрополошког друштва Србије, Ниш, 2012; 47: 163-72.

Број бодова: $6 \times 0,3 = 1,8$

2. Видовић, С, Васић, З, **Вулић, И**, Параш С, Шушчевић Д, Новаковић, М. Утицај миграција на дистрибуцију крвних група АБО и Rh система на подручју Републике Српске. Гласник Антрополошког друштва Србије, Ниш, Србија, 2013; 48:29-36.

Број бодова: $6 \times 0,3 = 1,8$

Научни рад на скупу међународног значаја, штампан у зборнику извода радова.....(3 бода)

1. Видовић, С, Петковић, М, **Вулић, И**. Учесталост тризомије 21 регистроване код новорођенчади у КЦ Бања Лука. Зборник извода радова: 52 Конгрес Антрополошког Друштва Србије са

међународним учешћем. Нови Сад, 2013; 35.

Број бодова: $3 \times 1,0 = 3,0$

2. **Вулић, И.** Видовић, С, Петковић, М. Учесталост хромозомских аберација утврђених раном амниоцентезом у КЦ Бања Лука. Зборник извода радова: 52 Конгрес Антрополошког Друштва Србије са међународним учешћем. Нови Сад, 2013; 43.

Број бодова: $3 \times 1,0 = 3,0$

3. **Вулић, И.** Појскић, Л, Оруч, Л, Малица, С, Видовић, С. Улога гена неурокан у патологији шизофреније. Зборник извода радова: 52 Конгрес Антрополошког Друштва Србије са међународним учешћем. Нови Сад, 2013; 42.

Број бодова: $3 \times 0,5 = 1,5$

4. Видовић, С, Васић, З, Петковић, М, **Вулић, И.** Барош, И. Компаративна анализа антропометријских параметара школске омладине узраста 7-19 година између два миленијума. Зборник извода радова: 52 Конгрес Антрополошког Друштва Србије са међународним учешћем. Нови Сад, 2013; 94.

Број бодова: $3 \times 0,5 = 1,5$

5. Амиџић, Љ, **Вулић, И.** Detection of amplifications of gene HER2 in aggressive breast cancer using the chromogenic *in situ* hybridization. Journal of Medical Faculty University of Sarajevo, 2014; Vol 49, 72.

Број бодова: $3 \times 1,0 = 3,0$

6. **Миловац, И.** Видовић, С, Лојо-Кадрић, Н, Рамић, Ј, Хаџић, М, Мавија, З, Појскић, Л. Altered VIP gene expression in patients with irritable bowel syndrome. Book of abstracts: First Congress of Molecular Biologists of Serbia, Belgrade, Serbia, 2017; 153.

Број бодова: $3 \times 0,3 = 0,9$

7. Niesler, B., Mohr, S., Hattensperger, N., Martinez, C., Schmutteckert, S., Houghton, LA., Goebel-Stengel, M., Kabisch, M., Knab, D., Hammer, C., **Vulić, I.**, D'Amato, M., Zheng, T., Monnikes, H., Berens, S., Kraus, F., Andersen, V., Frieling, T., Keller, J., Pehl, C., Thoringer, C., Clarke, G., Kennedy, PJ., Cryan, JF., Dinan, TG., Quigley, Em., spiller, R., Beltran, C., Herzog, W., Mayer, EA., Sayuk, G., Gazouli, M., Kapur-Pojskić, L., Bustamante, M., Rabionet, R., Estivill, X., Boeckxstaens, G., Wouters, MM., Simren, M., Rappold, GA, Vicario, M., Santos, J., Schafert, R., Lorenzo-Bermejo, J., Niesler, B. A functional SNP of the serotonin transporter gene promoter is associated with IBS. *Neurogastrology and Motility*, 2017; Volume 29, Supplement 2, 50.

Број бодова: 3x0,3 = 0,9

Радови последије последњег избора/реизбора

(Навести све радове, дати њихов кратак приказ и број бодова сврстаних по категоријама из члана 19. или члана 20.)

Оригинални научни рад у водећем научном часопису међународног значаја... 12 бодова

1. Mohr S, Fritz N, Hammer Ch, Martinez C, Berens S, Schmitteckert S, Wahl V, Schmidt M, Houghton LA, Goebel-Stengel M, Kabisch M, Gotze D, **Milovac I**, D'Amato M, Zheng T, Roth R, Monnikes H, Engel F, Gauss A, Tesarz J, Raithel M, Andersesn V, Frieling Th, Keller J, Pehl Ch, Stein-Thoringer Ch, Clarke G, Kennedy PJ, Cryan JF, Dinan GT, Quigley EMM, Spiller R, Beltran C, Madrid AM, Torres V, Perez de Arce E, Herzog W, Mayer EA, Sayuk G, Gazouli M, Karamanolis G, Kapur-Pojskić L, Bustamante M, Rabionet R, Estivil X, Franke A, Wolfgang L, Boeckxstaens G, Wouters MM, Simren M, Rappold GA, Vicario M, Santos J, Schafert R, Lorenzo-Bermejo J, Niesler B. The alternative serotonin transporter promoter P2 impacts gene function in females with irritable bowel syndrome. *Journal of Cellular and Molecular Medicine*, 2020; 25(16): 8047-8061.

Синдром иритабилног колона (ИБС) је поремећај ентеричког нервног система на нивоу цријево-мозак. Ген за серотонински транспортер SLC6A је умијешан у патофизиологију ИБС-а, али основни генетски међанизми остају нејасни. У раду смо еквенцирали алтернативни P2 промотор који покреће експресију SLC6A и идентификовали тачкасте полиморфизме (SNPs) који су доведени у везу са појавом ИБС-а у узорку. Идентификовани тачкасти полиморфизми су СНП-ови су изградиле различите хаплотипове, а показано је да је SNP rs2020938 повезан са констипација преодоминантним ИБС-ом (ИБС-Ц) код жена. Валидација

полиморфизма rs2020938 је извршена код 1978 пацијената са ИБС-ом и 6038 контрола из осам земаља. Мета-анализом 2175 ИБС пацијената и 6128 контрола потврђена је повезаност са ИБС-Ц код жена. Такође, анализе су показале да P2 промотор покреће експресију SLC6A гена првенствено у танком цријеву. Анализе генског репортера су показале функционални утицај SNP-а у P2 региону. In silico анализа полиморфног промотера је показала је диференцијалну регулацију експресије. Даље праћење је открило да је главни алел SNP rs2020938 у корелацији са диференцијалном експресијом SLC6A у јејунуму конзистенцијом столице, што указује на функционалну релевантност. Наши подаци указују на то да rs 2020938 као функционални SNP је повезан са ризиком од ИБС-Ц код жена, наглашавајући релевантност SLC6A у патогенези ИБС-а.

Број бодова: 12x0,3 = 3,6

2. Ramić J, **Milovac I**, Mavija Z, Lojo-Kadrić N, Hadzić M, Vidović S, Niesler B, Dovrolis N, Gazouli M, Pojskić N, Pojskić L. Fecal microbiome diversity in irritable bowel syndrome (IBS) clinical subtypes. Archives of Clinical and Biomedical Research, 2021; 5: 125-136.

Синдром иритабилног црева (ИБС) је функционални гастроинтестинални поремећај (ГИ) поремећај (gut brain gastrointestinal disorder), обично праћен затвором или дијарејом без икаквих органских доказа. Преваленција ИБС-а је прилично висока од око 10-15% (10,1% према Рим III и 4,1% према Риму IV критеријуму код радно способног становништва. Квалитет живота код пацијената са ИБС-ом је смањен и стога велика препрека нормалном физичком и социјалном функционисању. У интензивираним клиничким истраживањима широм света предложени су нови патофизиолошки механизми за ИБС који укључују цревну дисбиозу као један кључних фактора за настанк или даљи развој ИБС-а. Интестинални микробиом представља екосистем микроорганизама и гастроинтестиналног тракта код човека. Разноврсност и састав ГИ микробиома се може значајно разликовати између јединки, у зависности од пола, старости или физиолошких стања (трудноћа, болест, итд.). Састав цревног микробиома често је различит код пацијената са различитим симптомима код ИБС. Циљ ове студије је био да се истражи да ли постоји веза у микробном саставу и релативној бројности микробних таксона у фецесу особа са дијагнозом ИБС. Профилисање фекалне микробиоте је урађено у групи од девет клинички потврђених пацијената са ИБС и 6 здравих контрола, на основу 16s РНК гена специфичног за врсту. Није утврђена статистички значајна разлика код алфа и бета разноликости.

Број бодова: 12x0,3 = 3,6

3. Vidović V, Maksimović N, Vidović S, Damjanović T, **Milovac I**, Novaković I. PPARGC1A gene polymorphism and its association with obesity-related metabolic traits in serbian adolescent population. Genetika – Belgrade, 2022; 54(3): 1375-1384.

PPARGC1A је укључен у многе метаболичке процесе укључујући нормалне митохондријалну биогенезу, оксидацију глукозе и липида и транспорт глукозе у скелетне мишиће. Претходна истраживања повезала су овај полиморфизам са већим ризиком од развоја дијабетеса типа 2, метаболичког синдрома и гојазности. Циљ студије је био да се истражи повезаност *Gly482Ser* са индексом тјелесне масе (БМИ), нивоима глукозе наташте и липидног профила код адолесцената у Србији. Студија је обухватила 147 дечака и 150 девојчица од 15 година старости. Узимани су антропометријски и биохемијски параметри. Кардиоваскуларне и малигне болести, дијабетес типа 2, церебрална парализа и генетички синдроми били су критеријуми за искључење. Генотипизација је извршена са *polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism (RFLP)*. Резултати су показали да су код дјечака који су носиоци *GG* генотипа је имао статистички веће средње вредности укупног холестерола у односу на дечаке који су били носиоци *GA+AA* генотипова ($P=0,033$). Статистички значај није добијен и за остале анализирани параметре. У групи гојазне деце уочене су веће средње вредности укупног холестерола и ЛДЛ-холестерола код носилаца од *GG* генотипа у поређењу са носиоцима *GA+AA* генотипа за све адолесценте. Није примећена корелација за вредности БМИ, глукозе и нивоа триглицерида. За потврду ових налаза неопходно је провести анализу у већем узорку узимајући у обзир и негенетичке факторе.

Број бодова: $12 \times 0,3 = 3,6$

Оригинални научни рад у научном часопису међународног значаја.....10 бодова

1. **Milovac I**, Vidović V, Ramić J, Lojo-Kadrić N, Hadžić M, Mavija Z, Vidović S, Pojskić L. Identification of Gene Candidates Associated with irritable bowel syndrome. Scripta Medica, 2022; 53(4): 327-331.

Синдром иритабилног колона (ИБС) спада у гастроинтестиналне поремећаје које карактеришу нелагодност и бол у стомаку, констипацију или дијареју, надимање стомака и друге промјене у гастроинтестиналном тракту. Циљ је био да се утврди однос између одабраних генетских полиморфизама са ИБС-ом, комбиновани генотипски ефекат, као и да се процјени разлика у дистрибуцији фреквенција алела и генотипова одабраних локуса између пацијената и контролне групе. Ово је била проспективна студија која је укључивала 29 учесника, 20 особа са дијагнозом ИБС-а на основу критеријума Рим III и

9 *здравих особа. Студија је анализирана одабране генетске полиморфизме као могући ризико факторе за ИБС према моделу студије случај-контрола. Генотипизација је урађена за FKBP5, DRD2 и DAT полиморфизме оквалификоване као фактори ризика за ИБС у претходним истраживањима. Резултати су показали значајну повезаност између DAT полиморфизма са ИБС-ом, како на нивоу алела ($P = 0,006$) тако и на нивоу генотипа ($P=0,031$). Индивиде са 434 алелном варијантом у генотипу имају шест пута већу вероватноћу за развој ИБС-а, у поређењу са особама без ове алелне варијанте. Статистичка повезаност између осталих анализираних полиморфизма и ИБС није утврђена. Анализа комбинованог ефекта одабраних полиморфизми нису открили никакву повезаност са ИБС-ом, осим FKBP5 и DAT чији је резултат био на нивоу статистичке значајности ($P = 0,05$). Даља анализа која би укључила DAT полиморфизам у већем узорку, као и други гени укључени у допамински неуротрансмитерски систем, били би од великог интереса за дефинисање ближе етиологије ИБС-а.*

Број бодова: $10 \times 0,3 = 3,0$

Научни рад на скупу међународног значаја, штампан у зборнику извода радова.....3 бода

1. **Milovac I**, Vidović V, Radić-Savić Ž, Bećarević J, Lojo-Kadrić N, Ramić J, Hadžić M, Mavija Z, Vidović S, Pojskić L. Altered PDZD3, P2RY4, GUCA2B and TNFSF15 gene expression in tissue of patients with the irritable bowel syndrome. International Conference of Biochemists and Molecular Biologists in Bosnia and Herzegovina, 2023; Book of abstracts, p. 81, Sarajevo, Bosnia and Herzegovina.

*Претходна истраживања су показала да упале и имунолошке промјене могу бити релевантне у етиопатогенези синдрома иритабилног колона (ИБС). У овој студији је урађена анализа експресије за четири гена: PDZD3, P2RY4, GUCA2B и TNFSF15. Измењене експресије ових гена пронађени су у биопсијама дебелог црева код пацијената и повезани су са појавом ИБС-а. Циљ студије је да се утврди да ли постоји разлика у експресији PDZD3, P2RY4, GUCA2B и TNFSF15 гена између различитих типова биолошких узорака (крв и биопсија) у групи пацијената са ИБС-ом и у контролној групи. Укупна РНК је изолована из крви (20 пацијената и 9 здравих добровољаца) и ткива (9 пацијената и 7 здравих добровољаца) којом је мјерена и релативна експресија гена *real time PCR* методом. Релативни израз између ове две групе је израчунат уз помоћ статистичке итерације REST. Повећана експресија гена у биопсијама у поређењу са узорцима крви у групи пацијената је била потврђена на статистички сигнификантном нивоу за сва четири гена:*

PDZD3 ($P=0,021$), P2RY4 ($P=0,043$), GUCA2B ($P=0,002$) и TNFSF15 ($P=0,001$). Промењена експресија гена P2RY4 и PDZD3 нађена је само у ткивима пацијената, а нису пронађени у контролној групи. Ово наводи на закључак да је повећана регулација P2RY4 и PDZD3 у вези са појавом ИБС-а. Повећана регулација GUCA2B и TNFSF15 није нужно повезан са ИБС-ом и протеински производи се редовно експримирају у ткивима у великим количинама.

Број бодова: $3 \times 0,3 = 0,9$

2. Radić-Savić Ž, Vidović V, Vidović S, **Milovac I**, Bećarević J, Ćorić V, Matić M, Simić T. Association of GSTP1 polymorphisms rs1695 and rs113827 with susceptibility to balkan endemic nephropathy. International Conference of Biochemists and Molecular Biologists in Bosnia and Herzegovina, 2023; Book of abstracts, p. 84, Sarajevo, Bosnia and Herzegovina.

Балканска ендемска нефропатија (БЕН) је препозната као ендемска хронична тубулоинтерстицијална болест у руралним подручјима Босне, Србије, Хрватске, Бугарске и Румуније. Упркос опсежним истраживањима, његова етиологија још увек није јасна. Тренутни подаци сугеришу да је изложеност аристоклохиној киселини (АА) могући узрок БЕН. Ђелијски метаболизам АА укључује сложену метаболичку активацију, повезану са производњом реактивне врсте кисеоника, што доводи до оксидативног стреса. Цитосолна породица глутатион-трансфераза (GST) је укључена у детоксикацију различитих токсичних једињења и антиоксиданса заштите. Познато је да органи са интензивном метаболичком активношћу, попут бубрега, имају високу експресију цитосолни GST, посебно ти (GSTP) изоензими. У случају полиморфизма гена GSTP1, дба најчешћа полиморфизма појединачних нуклеотида (SNP) су rs1695 и rs113827. Претпоставили смо да је GST полиморфизми са последичним одсуством или нижим активностима ензима могу модификовати индивидуалну осетљивост на БЕН. Стога смо проценили ефекат ових SNP -ова, као и хаплотипови GSTP 1ABCD о ризику за развој БЕН-а. Студија случај-контрола обухватала је 209 БЕН пацијената и 140 здравих особа, становника ендемских насеља. Генотипови GSTP 1 одређивани су qPCR применом тестова генотипизације користећи Applied Biosystem Taqman Drug Metabolism Genotyping есеј. Није било статистички значајне повезаности између различитих GSTP 1 генотипова и БЕН ризика ($P > 0,05$). Хаплотип састављен од дивљих алела А и С био је најчешћи међу пацијентима (68%) и контролној групи (70%). Хаплотип који се састоји од варијантних алела за оба полиморфизма G и T су били повезани са 1,6 пута повећаним ризиком ($OR=1,64$; 95% $CI=0,75-3,58$; $P=0,21$). Резултати су показали да нема индивидуалног утицаја овог полиморфизма на осетљивост на настанак БЕН-а. Иако је анализа

хаплотипа открила већи ризик од БЕН-а код носилаца обе варијанте алела, уочени ефекат није достигао статистичку значајност. Потребна су опсежнија истраживања у овој области код пацијената са балканском ендемичном нефропатијом.

Број бодова: $3 \times 0,3 = 0,9$

3. Maksimović N, Vidović V, Damjanović T, Jekić B, Perović D, Vidović S, **Milovac I**, Novaković I. Association of PRDM16 and CtBP genes polymorphisms with lipid profile of adolescents. European Human Genetics Conference, 2019; Book of abstracts, p. 658 Milan, Italy.

Увод: Присуство мрког масног ткива (ВАТ) код адолесцената и одраслих особа покренуло је бројна питања о његовој физиологији и потенцијалним утицајем на здравље човјека. Код здравих одраслих особа присуство ВАТ је асоцирано са нижим вриједностима глукозе и укупног холестерола. Кључни регулатор развоја ВАТ је PRDM16. Овај протеин индукује фенотип мрког масног ткива кроз интеракцију са PGC1 α , PPAR α , PPAR γ , C/EBP и врши репресију гена специфичних за бијело масно ткиво кроз интеракцију са C- терминус везујућим корепресорним протеинима (CtBP1 и CtBP2). Циљ студије је био да се анализира повезаност PRDM16 гена (rs 12409277) и CtBP2 гена (rs1561589) полиморфизама са ИТМ, вриједностима глукозе на таште и липидним статусом адолесцената. Материјал и методе: У студију је укључено 300 здраве школске дјеце, 146 (48,7%) дјечака и 154 (51,3%) дјевојчица узраста 15 година. Генотипови одабраних полиморфизама су детектовани PCR методом у реалном времену. Прикупљени су подаци о старости испитаника, полу, висини, тежини, липидном статусу (вриједности укупног, ХДЛ, ЛДЛ холестерола, триглицерида и глукозе на таште). Резултати: Није уочена статистички значајна повезаност rs12409277 и rs1561589 полиморфизама са ИТМ, глукозом на таште и липидним статусом адолесцената. Такође, анализиран је адитивни ефекат ова два полиморфизма, те је статистичка анализа показала да носиоци СТ генотипа rs 12409277 полиморфизма и GG генотипа rs1561589 полиморфизма имају сигнификантно ниже вриједности укупног холестерола ($p=0,001$) и ЛДЛ холестерола ($p=0,008$) у компарацији са свим другим групама генотипова. Закључак: Резултати студије указују да rs12409277 и rs1561589 полиморфизми могу утицати на вриједности укупног и ЛДЛ холестерола код адолесцената. За коначан закључак, требало би спровести студије са већим бројем испитаника.

Број бодова: $3 \times 0,3 = 0,9$

4. Vidović V, Maksimović N, Novaković I, Jekić B, Damjanović T, Vidović S, **Milovac I**. PPAR γ rs3856806 C>T polymorphism and its association with BMI, fasting glucose levels and lipid profile in

Увод: Пероксизомни пролифератором активирани рецептор гама (PPAR- γ) је нуклеусни хормонски рецептор и лиганд- активирајући транскрипциони фактор. PPAR- γ ген се највише експримира у масном ткиву гдје има кључу улогу у диференцијацији адипоцита, метаболизму липида, регулацији инсулинске резистенције и нивоа глукозе у крви. Студије су показале да би полиморфизам у оквиру PPAR- γ гена rs3856806 (C161T, His447His) могао бити асоциран са гојазношћу, осјетљивости на инсулин, diabetes mellitus-ом типа 2 и дислипидемијом. Циљ студије је био да се испита асоцијација rs3856806 са индексом тјелесне масе (ИТМ), нивоом глукозе на таште и липидним статусом код адолесцената у Србији. Методе: Случајним одабиром, у студију је укључено 274 здрава адолесцената оба пола и то 139 (50,36%) дјечака и 137 (49,64%) дјевојчица, узраста 15 година. Прикупљени су подаци о старосној структури адолесцената, полу, висини, тежини, липидном статусу и вредностима глукозе у крви на таште. Генотипизација је вршена PCR-RFLP методом. Резултати: Није уочена повезаност овог полиморфизма са ИТМ и липидним статусом. Такође, на укупном узорку, резултати нису достигли статистички значајне разлике у вредностима глукозе на таште ($p=0,066$). Међутим, одвојену по полу, статистички значајна разлика у вредностима глукозе на таште је уочена у групи дјевојчица ($p=0,013$). Носиоци Т алела су имале статистички значајно ниже вредности глукозе у крви у односу на носиоце СС генотипа. Да би се потврдили ови резултати, рађена је мултипла линеарна регресиона анализа користећи ИТМ као коваријату. Статистички значајна разлика потврђена је у групи дјевојчица ($\beta=0,185$, $p=0,033$). Закључак: Овај полиморфизам би могао бити асоциран са нивоом глукозе на таште код дјевојчица, те би даља истраживања са већим бројем испитаника била од изузетног значаја како би се потврдили добијени резултати.

Број бодова: $3 \times 0,3 = 0,9$

5. Vidović S, Maksimović N, Vidović V, Damjanović T, Jekić B, **Milovac I**, Grk M. Genetic diagnosis by aCGH in patient with developmental delay and congenital anomalies- case report. 6th Congress of the Serbian Genetic Society, 2019; Book of abstract 02-64, Vrnjačka Banja, Srbija.

Ереј компаративна геномска хибридизација (aCGH) постаје прва линија одабира генетичког теста за пацијенте са застојем у развоју/интелектуалним потешкоћама и мултиплим конгениталним аномалијама. Ереј CGH нуди прецизнију дијагностику за ову групу пацијената, у односу на конвенционални кариотип (G-траке). Боља

резолюција микроереј технологије омогућава идентификацију небалансираних хромозомских реаранжмана са већом прецизношћу, тачношћу и техничком осјетљивошћу, примарно због његове сензитивности за субмикроскопске делеције и дупликације. У овом приказу случаја, пацијент је четворогодишња дјевојчица са дијагностикованим застојем у развоју. Пацијент не говори, има перзистентни ductus arteriosus, вентрикуларни септални дефект, микроцефалију, ретрогнатију и малу вилицу. Примјеном GTG трака, пацијентов кариотип је интерпретиран као 46, XX, t (2;14) (q23;q24). Ереј CGH је рађен примјеном Agilent SurePrint G3 custom CGH+SNP Microarray 8x60K (UCSC, hg19, NCBI Build 37, February, 2009). Резултати су анализирани са CytoGenomics 3.0 Agilent софтвером. Резултати aCGH су показали клинички значајну делецију у региону 2q23.3-q24.1 величине око 7,25 Мб. У оквиру делеционог региона присутно је 42 гена, од којих су 4 описана као OMIM morbid. OMIM morbid гени укључују ACVR1, SACNB4, GPD2 и NEB гене. NR4X2 ген у оквиру овог региона није описан као OMIM morbid, али је повезан са поремећајима из аутистичног спектра. Делеција сличне величине је описана у ISCA бази података код пацијената са аутизмом, психомоторним и говорним застојем у развоју. Такође, делеција око 221кб непознатог клиничког значаја је детектована у региону 14q24.1. Ова делеција обухвата 4 гена од којих су 3 протеин кодирајућа; DCAF5, EXD2, и GALNT16. Ни један од наведених није описан као OMIM morbid. Резултати су такође показали неколико варијација у броју копија које су у бази података Database of Genomic Variations описане као нормалне варијације.

Број бодова: 3x0,3 = 0,9

6. **Milovac I**, Vidović V, Vidović S, Lojo-Kadrić N, Ramić J, Hadžić M, Mavija Z, Pojskić. DAT polymorphism and its association with irritable bowel syndrome. 1st Congress of Geneticists in Bosnia and Herzegovina with International Participation, 2019; Book of abstract p. 39, Sarajevo, Bosnia and Herzegovina.

Синдром иритабилног колона (ИБС) је функционални поремећај гастроинтестиналног тракта који се карактерише боловима у трбуху и нелагодом. Повезан је са дефекацијом и промјенама у облику и учесталости столице и дистензијом абдомена, као и са различитим психолошким стањима. Студије су показале да је транспортер серотонина SLC6A4 (SERT) један од кључних гена кандидата укључен у етиологију синдрома иритабилног колона. Веома важан паралог SERT-а је транспортер допамина SLC6A3 (DAT) који има кључну улогу у регулацији неуротрансмисије допамина. Полиморфизам варијабилног броја тандемских поновака (VNTR) у некодирајућем региону DAT гена је асоциран са неколико клиничких фенотипова као што су дисрегулација транспорта допамина. Циљ ове студије је био да се испита повезаност

овог полиморфизма са клиничким фенотиповима пацијената са ИБС-ом. Узорци крви узети су од 20 пацијената са ИБС-ом којима је дијагностикован ИБС према Rome III критеријумима и од 9 здравих добровољаца без било каквих гастроинтестиналних симптома. Генотипизација је вршена примјеном конвенционалног PCR-а, након чега је вршено секвенционирање примјеном 3500 Genetic Analyzer-а. Резултати су показали статистички значајну повезаност DAT полиморфизма и ИБС-а у погледу 434 алелне варијанте ($p=0,006$), што значи да особе са овим алелом имају шест пута већу могућност за ИБС од особа без ове варијанте. Такође, код носиоца 434/434 генотипа уочена је статистички значајна повезаност са ИБС-ом ($p=0,031$). Иако је већина претходних студија била усредсређена на серотонин, ова студија је потврдила да систем допаминских неуротрансмитера има кључну улогу у етиопатологији ИБС-а.

Број бодова: $3 \times 0,3 = 0,9$

7. Ramić J, **Milovac I**, Lojo-Kadrić N, Maida H, Mavija Z, Vidović S, Pojskić L. Bacterial genome identification from fecal samples with irritable bowel syndrome (IBS). 1st Congress of Geneticists in Bosnia and Herzegovina with International Participation, 2019; Book of abstract p. 70, Sarajevo, Bosnia and Herzegovina.

Синдром иритабилног колона (ИБС) је функционално обољење гастроинтестиналног тракта окарактерисано констипацијом и/или дијарејом без јасног органског узрока. Преваленца за ИБС је око 10-15% у општој популацији. Утврђено је да микробиом цријева има велики утицај у развоју обољења. Бактерије природно настањују танко цријево, али композиција микробиома може бити различита због унутрашњих и спољашњих фактора. У нашем пројекту, идентификовани су бактеријски сојеви из изоловане ДНКУ нашем пројекту. ДНК идентификација бактеријских сојева је спроведена коришћењем NGS секвенцирања за панел специфичан низ бактеријских сојева из ДНК изолованих из фекалија особа код којих је дијагностикован ИБС и здравих особа. У узорку фецеса код ИБС-М пацијената, идентификовано је 646 врста бактерија из седам породица, са вредношћу Шеноновог индекса разноликости 2.386. Контролни узорак је имао мањи диверзитет са 639 врста из седам породица и Шенонов индекс разноликости је 2.052. Већина бактеријских врста присутних у гастроинтестиналном траку се може наћи у фецесу. С тим у вези, разлике у саставу између испитаника са дијагнозом ИБС-а и здравих особа може бити корисно за откривање механизма настанка ИБС-а, његовом дијагностификовању и могућностима лијечења.

Број бодова: $3 \times 0,3 = 0,9$

8. Maksimović N, Vidović V, Damjanović T, Jekić B, **Milovac I**, Grk M, Vidović S. Findings from ACGH in patient with psychomotor delay-case report. 1st Congress of Geneticists in Bosnia and Herzegovina with International Participation, Sarajevo, Bosnia and Herzegovina 2019; Book of abstract p. 80.

Необјашњиво психомоторно кашњење има инциденцу од 1-3% и када је повезано са конгениталним аномалијама, најчешћи узрок ових стања су хромозомски реаранжмани. Као иницијално тестирање деце са психомоторним кашњењем узима се кариотип анализа и метаболичка испитивања. Међутим, Array Comparative Genomic Hybridization (ACGH) је постала стандардна метода дијагностике широм света. ACGH је високо осетљива метода која омогућава откривање неуравнотежених хромозомских аберација и анеуплоидије. У овом извештају, пацијент је шеснаестогодишња девојчица рођена са благом менталном ретардацијом и психомоторним кашњењем, хиперакузом, епилепсијом, назалним говором, клинодактилијом петог прста на левој руци, као и ниско постављеним ушним шкољкама. Пацијенткица је имала кариотип интерпретиран као нормалан коришћењем анализе ГТГ трака. ACGH је изведен коришћењем Agilent SurePrint G3 custom CGH+SNP Microarray 8x60K (UCSC, hg19, NCBI Build 37,

February, 2009). Резултати су показали клинички значајну дупликацију 17к25.1-к25.3 региона величине ~7.96Мб. Унутар дуплицираног региона присутно је 217 гена, од којих је 36 описано као ОМИМ морбид. Дупликације сличне величине су описане у бази података DECIPHER код пацијената са психомоторним кашњењем, хиперактивношћу и неоплазмом ЦНС-а. Поред дуплирања, ~755 кб клинички значајна делеција је откривена у региону 17к25.3. Делеција укључује 18 гена од којих су 2 описана као ОМИМ смртна: TVCD (МИМ604649) и ZNF750 (МИМ610226). Пацијент са сличном делецијом је описан у бази података DECIPHER са израженим психомоторним кашњењем. На основу ових резултата препоручује се FISH анализа за оба родитеља како би се одредио могући носилац инверзије у подручју од 17q.

Број бодова: $3 \times 0,3 = 0,9$

Реализован међународни научни пројекат у својству сарадника на пројекту.....3 бода

Видовић С, Шњегота Д, Грк М, **Миловац И**, Шибаревић М, Максимовић Н, Видовић В, Дамњановић Т. Анализа генома примјеном ереј компаративне геномске хибридизације (aCGH) код дјете са фацијланом дисморфијом, психомоторним заостајањем у развоју и мултиплим конгениталним аномалијама. Министарство за научнотехнолошки развој, високо образовање и информационо друштво, 2019. Број пројекта: 1257011.

Број бодова: $3 \times 0,3 = 0,9$

г) Образовна дјелатност кандидата:

Образовна дјелатност прије последњег избора/реизбора

(Навести све активности (публикације, гостујућа настава и менторство) сврстаних по категоријама из члана 21.)

Рецензирани универзитетски уџбеник који се користи у земљи.....6 бодова

1. Бајровић, К., Чакар, Ј., Дурмић-Пашић, А., Цехверовић, М., Хацић, М., Хаџиселимовић, Р., Хаверић, А., Хаверић, С, Ибруљ, С., Каламујић, С, Капур-Појскић, Л., Казић, А., Ковачевић, Л., Лачевић, А., Ласић, Л., Лојо-Кадрић, Н., Лукић Билела, Л., Марјановић, Д., Парић, А., Пилав, А., Појскић, Н., Приморац, Д., Радић, К., Радосављевић, Г., Рамић, Ј., Софразија, А, Видовић, С., Вулић, И. (2014). Увод у генетичко инжењерство и биотехнологију. Сарајево, Институт за генетичко инжењерство и биотехнологију (ИНГЕБ)

Број бодова: $6 \times 0,3 = 1,8$

Уџбеник за предунверзитетски ниво образовања, коаутор.....2 бода

1. Видовић, С., Томић, В., Шњегота, Д., Миловац, И., Лукач, М. (2017). Биологија за 4. разред гимназије општи и природно-математички смјер. Источно Сарајево, Завод за уџбенике и наставна средства.

Број бодова: $2 \times 0,5 = 1,0$

Образовна дјелатност после последњег избора/реизбора

(Навести све активности (публикације, гостујућа настава и менторство) и број бодова сврстаних по категоријама из члана 21.)

Вредновање наставничких способности / Оцјењивање наставног процеса наставника и сарадника

Комисија је извршила поступак вредновања наставничких способности кандидата Ирине Миловац, запослене на Медицинском факултету Универзитета у Бањој Луци од фебруара 2008. године.

Према одредбама члана 25. Правилника о измјени Правилника о поступку и условима избора наставника и сарадника на Универзитету у Бањој Луци број 02/04-3.1144-7/17 од 27.04.2017. а на основу података и извјештаја о спроведеној анкети студената о квалитету наставе, увидом у анкету студената Медицинског факултета Универзитета у Бањој Луци,

Ирина Миловац анкетирана је у академској 2013/14 години, за ужу научну област Хумана генетика, на студијским програмима Медицина и Стоматологија и оцјењена је просјечном оцјеном 4,41 што се вреднује са 8 бодова, а односи се на период прије посљедњег избора.

Др Ирина Миловац је анкетирана и академске 2021/22. године када је била ангажована у наставном процесу поново у звању вишег асистента и оцјењена је просјечном оцјеном 4,54 што се вреднује са 10 бодова, а односи се на период после посљедњег избора.

Број бодова: 10

УКУПАН БРОЈ БОДОВА:

10,00

д) Стручна дјелатност кандидата:

Стручна дјелатност кандидата прије последњег избора/реизбора
(Навести све активности сврстаних по категоријама из члана 22.)

Стручна дјелатност кандидата (послије последњег избора/реизбора)
(Навести све активности и број бодова сврстаних по категоријама из члана 22.)

Стручни рад у часопису националног значаја (с рецензијом)2 бода

Vidovic V, Maksimovic N, Damnjanovic T, Jekic B, **Milovac I**, Grk M, Vidovic S. Findings from ACGH in patient with psychomotor delay-case report. Genetics & Application, 2019; 3: 38-41.

Иницијална тестирања код дјече са психомоторним застојем подразумеју аналізу кариотипа и метаболичке тестове. Међутим, ереј компаративна геномска хибридизација (ACGH) је постала стандардна метода дијагностике широм свијета. ACGH је високо сензитивна метода која омогућава детекцију небалансираних хромозомских аберација и анеуплоидија. У овом приказу случаја, пацијент је шеснаестогодишња дјевојчица са умјереном менталном ретардацијом и психомоторним застојем у развоју, епилепсијом, тихим назалним говором, клинодактилијом V прста на лијевој руци, те ниско положеним ушима. Користећи GTG траке, кариотип пацијента је интерпретиран као нормалан. Анализа ACGH је рађена примјеном Agilent SurePrint G3 custom CGH+SNP 80x60 микроереја (UCSC, hg19, NCBI Build 39, February, 2009). Резултати су анализирани примјеном CytoGenomics 3.0 Agilent софтвера. Резултати ACGH су показали клинички сигнификантну дупликацију 17q25.1-q25.3 региона величине око 7.96 Mb. У оквиру дуплицираног региона присутно је 217 гена, од којих је 36 описано као OMIM morbid. Дупликације сличне величине описане су DECIPHER бази података код пацијента са психомоторним застојем у развоју, хиперактивношћу и неоплазмом ЦНС-а. Поред

дупликације, детектована је клинички значајна делеција величине око 755 kb у региону 17q25.3. Делецијом је обухваћено 18 гена од којих су 2 описана као OMIM morbid: TBCD (MIM604649) и ZNF750 (MIM610226). Пацијент са сличном делецијом је описан у DECIPHER бази података. На основу ових резултата, предлаже се FISH анализа за оба родитеља како би се детерминисало да ли су родитељи носиоци инверзије у региону 17qter.

Број бодова: 2x0,3 = **0,6**

УКУПАН БРОЈ БОДОВА:

0,60

Ирина Миловац	Број бодова Прије последњег избора	Број бодова Послије последњег избора
Просјек оцјена са основних и мастер студија	93,75	
Научна дјелатност кандидата	19,80	21,30
Образовна дјелатност кандидата	10,80	10,00
Стручна дјелатност кандидата	0,00	0,60
Укупан број бодова	124,35	125,65

III. ЗАКЉУЧНО МИШЉЕЊЕ

У складу са Законом о високом образовању Републике Српске, Статутом Универзитета у Бањој Луци, те Правилником о поступку и условима избора наставника и сарадника на Универзитету у Бањој Луци, а на основу анализе конкурсног материјала, Комисија је констатовала слjedeће:

На Конкурс за избор наставника за ужу научну област Хумана генетика на Медицинском факултету Универзитета у Бањој Луци, пријавио се један кандидат Ирина Миловац, доктор биолошких наука. Комисија је увидом у достављену документацију констатовала да др Ирина Миловац испуњава опште и посебне услове прописане Законом о високом образовању Републике Српске, Статутом Универзитета у Бањој Луци и Правилником о поступку избора наставника и сарадника на Универзитету у Бањој Луци за избор у звање наставника.

Кандидат др Ирина Миловац, са дугогодишњим искуством у раду са студентима као сарадник на Катедри за Хуману генетику Медицинског факултета Универзитета у Бањој Луци, има 125,65 освојених бодова на основу наведених критеријума, вјештину у посредовању и координисању у настави са успјешним праћењем напредовања студената у учењу, као и вјештине које је стекла у лабораторијском раду кроз академско усавршавање. Кандидат показује континуирани напредак у свом научно-стручном раду о чему говори и одбрањена докторска дисертација из одговарајуће научне области, Хумана генетика. Јасно је да се ради о кандидату који је квалитетан, активан и студиозан, а максималан број бодова добијен на основу података из Извјештаја о спроведеној анкети студената о квалитету наставе, јасно указује на показане педагошке и наставничке способности кандидата.

На основу свега наведеног, Комисија предлаже Наставно-научном вијећу Медицинског факултета и Сенату Универзитета у Бањој Луци да **Ирину Миловац, доктора биолошких наука, изабере у звање доцент за ужу научну област Хумана генетика на Медицинском факултету Универзитета у Бањој Луци.**

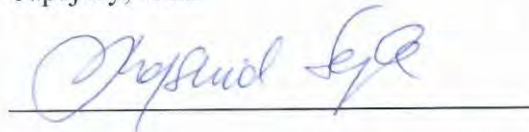
Бања Лука, Сарајево, 23.6.2023.

Потпис чланова комисије:

1. Др Стојко Видовић, редовни професор, ужа научна област Хумана генетика, Медицински факултет, Универзитет у Бањој Луци, председник



2. Др Лејла Појскић, редовни професор, ужа научна област Биотехнологија, Природно-математички факултет, Универзитет у Сарајеву, члан



3. Др Вања Видовић, доцент, ужа научна област Хумана генетика, Медицински факултет, Универзитет у Бањој Луци, члан

