

ИЗЈАВА

Студент: Нешан Александар

Број индекса: 426

Студијски програм: Биологија

Наслов мастер рада: Анализа филогенетских односа средњевећних врста фамилије *Pteris*

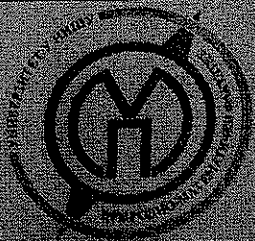
Ментор мастер рада: Саша Сисанковић (ментор) у складу са одредбом
својом за унапређење
описујући 1 (соп)

Изјављујем да без сагласности ментора резултати мастер рада неће бити публиковани у стручном или научном часопису нити саопштени на научном скупу/конференцији.

У Нишу, 24.10.2026.

Потпис

A. Haxel



ОБАВЕШТЕЊЕ О ОДБРАНИ МАСТЕР РАДА

Име:	Александар
Презиме:	Нешић
Број индекса:	426
Департман:	Биологија и екологија
Тема мастер рада:	Анализа филојенетских односа европских врста фамилије Pteridae (Lepidoptera) у односу са њиховим оксидацијом (COI)
Ментор:	Саша Станковић
Датум одбране:	30.10.2025.
Време одбране:	12:00 h
Место одбране:	Нш, ПМФ, Сала 100

Датум:	Потпис студента:
24.10.2025.	А. Нешић



ПРИРОДНО - МАТЕМАТИЧКИ ФАКУЛТЕТ
НИШ

КЉУЧНА ДОКУМЕНТАЦИЈСКА ИНФОРМАЦИЈА

Редни број, РБР:	
Идентификациони број, ИБР:	
Тип документације, ТД:	монографска
Тип записа, ТЗ:	текстуални / графички
Врста рада, ВР:	мастер рад
Аутор, АУ:	Александар Нешић
Ментор, МН:	Саша Станковић
Наслов рада, НР:	Анализа филогенетских односа европских врста фамилије Pieridae (Lepidoptera) употребом секвенце гена за цитохром оксидазу I (COI)
Језик публикације, ЈП:	српски
Језик извода, ЈИ:	енглески
Земља публикавања, ЗП:	Р. Србија
Уже географско подручје, УГП:	Р. Србија
Година, ГО:	2025.
Издавач, ИЗ:	ауторски репринт
Место и адреса, МА:	Ниш, Вишеградска 33.
Физички опис рада, ФО:	30 стр. ; граф. прикази 5 табела, 11 слика
Научна област, НО:	биологија
Научна дисциплина, НД:	Молекуларна систематика
Предметна одредница/Кључне речи, ПО:	Pieridae, секвенца гена за цитохром оксидазу I (COI), филогенетска анализа
УДК	565.78:575.86
Чува се, ЧУ:	библиотека
Важна напомена, ВН:	уколико је рад рађен ван факултета (у лабораторији)
Извод, ИЗ:	Истраживање је обухватило анализу филогенетских односа европских представника породице Pieridae (Lepidoptera) употребом секвенци митохондријалног гена за цитохром оксидазу I (COI). Циљ рада био је да се процени поузданост COI гена као молекуларног маркера у реконструкцији еволутивних веза унутар породице. Анализа 45 врста показала је да је COI фрагмент дужине 658 bp довољно варијабилан за разграничење између врста, родова и потпородица, али и довољно конзервативан за очување основне филогенетске структуре групе.
Датум прихватања теме, ДП:	22.10.2025.
Датум одбране, ДО:	30.10.2025.
Чланови комисије, КО:	Председник: др Маријана Илић Милошевић
	Члан: др Владимир Жижић
	Члан, ментор: др Саша Станковић



ПРИРОДНО - МАТЕМАТИЧКИ ФАКУЛТЕТ
НИШ

KEY WORDS DOCUMENTATION

Accession number, ANO :	
Identification number, INO :	
Document type, DT :	monograph
Type of record, TR :	textual / graphic
Contents code, CC :	Master thesis
Author, AU :	Aleksandar Nešić
Mentor, MN :	Saša Stanković
Title, TI :	Analysis of the phylogenetic relationships of European species of the family Pieridae (Lepidoptera) using the cytochrome oxidase I (COI) gene sequence
Language of text, LT :	Serbian
Language of abstract, LA :	English
Country of publication, CP :	Republic of Serbia
Locality of publication, LP :	Serbia
Publication year, PY :	2025
Publisher, PB :	author's reprint
Publication place, PP :	Niš, Višegradska 33.
Physical description, PD : (charts/manuscript/tables/pictures/grabs/appendices)	30 p. ; graphic representations (5 labels, 11 pics)
Scientific field, SF :	biology
Scientific discipline, SD :	Molecular systematics
Subject/Key words, S/KW :	Pieridae, COI, phylogeny,...
UC	565.78:575.86
Holding data, HD :	library
Note, N :	
Abstract, AB :	This study analyzes the phylogenetic relationships of European representatives of the family <i>Pieridae</i> (Lepidoptera) using sequences of the mitochondrial cytochrome oxidase I (COI) gene. The aim was to evaluate the reliability of the COI gene as a molecular marker in reconstructing evolutionary relationships within the family. Analysis of 45 species showed that the COI fragment, 658 bp in length, is sufficiently variable to distinguish between species, genera, and subfamilies, while remaining conservative enough to preserve the basic phylogenetic structure of the group.
Accepted by the Scientific Board on, ASB :	22.10.2025.
Defended on, DE :	30.10.2025.
Defended Board, DB :	President: phD Marijana Ilić Milošević
	Member: phD Vladimir Žikić
	Member, Mentor: phD Saša Stanković