

## РЕЦЕНЗИЯ

Относно: Оценка на материали, представени за конкурс за заемане на академичната длъжност „професор“ по научна специалност „Генетика“ за нуждите на изследователска група „Молекулярно-еволюционни изследвания“, секция „Биоразнообразие и екология на паразитите“, отдел „Животинско разнообразие и ресурси“ към Институт по биоразнообразие и екосистемни изследвания - БАН, обявен в Държавен вестник бр. 73 от 18.08.2020 г.

с единствен кандидат доц. д-р Петър Иванов Христов

От проф. д-р Маргарита Габрашанска, д.б., ИЕМПАМ – БАН

Със заповед на директора на ИБЕИ №74/28.10.2020 г съм определена за член на Научното жури по обявения конкурс за избор на академичната длъжност „Професор“. Представеният ми от кандидата комплект от материали е в съответствие със ЗРАСРБ и условията и реда за заемане на конкурсни академични длъжности в ИБЕИ - БАН.

### **Данни за кариерното и тематично развитие на кандидата.**

Доц. Христов завършва през 1993 г. природо-математическата гимназия в гр. Плевен. Образованието си продължава във ВМФ на ТрУ в гр. Стара Загора и през 1999 г. получава ОКС „Магистър“ с квалификация „Ветеринарен лекар“. От 2001 г. започва работа в ИБИР. Там разработва докторат за периода 2001-2005 г. Защитава дисертационен труд озаглавен „Определяне на оптималния момент за изкуствено осеменяване на крави“ по научна специалност „Развъждане на селскостопански животните, биология и биотехника на размножаването“ през 2005г. в ИБИР-БАН. От 2006 до 2009 г. работи като специалист – биолог в Лабораторията за генетични изследвания и опазване на биоразнообразието при селско-стопанските животни“ към ИЕПП-БАН, където основно провежда изследвания в областта на молекулярната диагностика на популационно и видово ниво. През 2009 г. става научен сътрудник I ст. в ИЕПП. От септември 2010 г. е гл. асистент в ИБЕИ- БАН. През 2015 г. е избран за доцент в същия институт, където работи до момента.

Кандидатът добива допълнителни квалификации, след като завършва специализирани курсове по „Паразитология и хелминтология“, „Съвременни електронно-микроскопски техники“, „Молекулярна таксономия, филогения и екология“ и „Репликация, транскрипция, трансляция, клетъчно делене – морфологичен аспект“. Тези курсове повишават квалификацията на доц. Христов в областта на обявения конкурс и спомагат за неговото научно развитие. Кандидатът има 16,11 години трудов стаж.

## Основни направления и най-важни научни приноси на доц. Христов.

Доц. Христов формира 4 основни научни направления на изследване:

- Проучвания върху биоразнообразието на местната пчела *Apis mellifera rodopica*.
- Молекулярна идентификация и мониторинг на актуални заболявания по пчелите / паразитни и вирусни/. Генетично разнообразие и произход на патогенните причинители
- Молекулярни филогенетични изследвания на местни породи животни и археозоологичен материал.
- Генетичен полиморфизъм на млечни протеини при местни и съвременни породи говеда. Популационна структура, произход и биогеография на вида.

По първото направление кандидатът изследва генетичния профил при местната пчела *Apis mellifera rodopica* чрез прилагане за първи път у нас на секвенционен анализ на фрагмент от митохондриалния ген *coI*. Този ген може да бъде използван като маркер за разграничаване на *Apis mellifera rodopica* от интродуцираните у нас подвидове *D.m. carnica*, *A.m. ligustica* и *A.m. caucasica* (20). Местната пчела има специфичен генетичен профил, който е с консервационно значение за биоразнообразието на страната. Чрез него се разширява прилагането на различни генетични маркери при генотипирането на българската медоносна пчела (1). Така *Apis mellifera rodopica* може да се обособи като отделен подвид, а не локален екотип на *A.m. macedonica*.

Второто направление е тематично свързано с научните разработки по първото направление. По него са осъществени молекулярна идентификация и мониторинг на актуални заболявания по пчелите / паразитни и вирусни/. Проследено е генетичното разнообразие и произхода на патогенните причинители. Широко разпространеният ектопаразитен акар *Varroa destructor* е изследван за генетично разнообразие и произход чрез прилагане на секвенционен и филогенетичен анализ на два митохондриални гена. Доц Христов изследва шест от най-често срещаните вируси по пчелните семейства (12, 25). Направен е филогенетичен анализ на получените секвенции с цел изясняване на географското разпространение и произход на тези вируси. Доказано е най-голямо сходство на българските щамове с тези установени в Турция и Средиземноморието. Акарът *Varroa destructor* е основен вектор за географското разпространение на вирусите. Молекулярната детекция и филогенетичният анализ на изследваните вируси са осъществени в България за първи път. Това е важен принос при установяване на основните патогенни вируси по пчелните семейства и техния произход в България. Извършена е молекулярна детекция и секвенционен анализ на микроспоридийни паразити по пчелите. Доказани са два основни причинители на нозематозата – *Nosema apis* и *Nosema ceranae* чрез прилагане на дуплексен PCR (13, 23, 25). Установено е единствено присъствието на по-патогенния вид *Nosema ceranae* в България. Изследванията показват, че *Apis mellifera rodopica* е по-устойчива към вирусни и паразитни заболявания в сравнение с интродуцираните подвидове.

Доц. Христов разглежда ролята на медоносната пчела като основен опрашител на земеделски култури. Намалването на пчелните семейства през последните десетилетия е основен икономически проблем в световен мащаб (3). Нарушаването на биоразнообразието на опрашителите има здравен и екологичен аспект (3). Доц. Христов разглежда основните биотични и абиотични фактори, водещи до редуциране на пчелните популации в света (5). Разработваният проблем е подробно описан и дискутиран в обзорна статия (5).

Направление 3 отразява молекулярни и филогенетични изследвания на местни породи животни и археозоологичен материал. Проведени са проучвания при местни породи говеда, овце, коне и кучета. Изследван е генетичният профил на две древни автохтонни породи говеда, характерни за Балканския полуостров /Българско сиво и Късорого родопско говедо/. Изследванията имат оригинален характер. Проучванията върху генетичното им разнообразие са осъществени чрез секвенционен анализ на митохондриален D-loop регион (4, 5, 7). Доказани са специфични митохондриални профили характерни за тези две популации. При изследванията с Българското сиво говедо е установен различен генетичен профил от този при Късорогото родопско говедо (15). Българското сиво говедо се е формирало по-късно от Родопското говедо. Дефинираните хаплотипа при Късорогото родопско говедо са характерни за Балканския полуостров. Представена е хипотеза за неговия древен произход, одомашняване и разпространение като част от балканските брахицерни популации. Дефинираните хаплотипове показват специфичен профил на митохондриалната ДНК в българските аборигенни породи говеда, което говори за техния различен времеви и териториален произход. Кандидатът доказва, че проучените местни породи говеда се явяват ценен генетичен ресурс и имат значение за опазване биоразнообразието на вида *Bos Taurus*. При двете породи е осъществен микросателитен анализ по пет полиморфни локуси, даващ ценна информация за тяхната ДНК (24,30). В сравнителен аспект са анализирани древни проби от говедо и неговия предшественик тур *Bos primigenius* на базата на митохондриалния D-loop регион (17). Дефинирана е нова хаплогрупа Т6, специфична само за Балканския полуостров. Доказана е принадлежността на българския тур към макрохаплогрупа Т, специфична за южноевропейските популации. Кандидатът разглежда две хипотези за одомашняването на говедото. Доказването на Т6 хаплогрупа само на Балканския полуостров потвърждава протичането на локални процеси водещи до одомашняване на говедото, а не на миграционни процеси от Мала Азия до Европа. Получените резултати относно одомашняването на говедото и датирането на изследваните проби показват, че в Мала Азия и на Балканския полуостров са присъствали развити човешки цивилизации в един и същ времеви диапазон. Доц. Христов доказва, че балканските брахицерни говеда са първите одомашнени в Европа. Те са най-примитивните и древни говеда, разпространени на Балканския полуостров. Късорогите говеда се явяват най-старата порода говеда в Европа (15). Представената

информация за произхода, одомашняването и разселването на двете автохтонни породи говеда се явява база за разработване на актуална стратегия за съхранението им.

Доц. Христов изследва в молекулярен и популационен аспект местни планински породи коне (16). На базата на митохондриалния D-loop регион е установен техният специфичен генетичен профил. Предложени са хипотези за възможния им произход. Това изследване има значение за изясняване произхода и одомашняването на местните планински коне в неизследван досега географски район – Балканския полуостров. Кандидатът проследява генетичното разнообразие на две съвременни български породи коне – Плевенска и Източнобългарска. Те показват разнороден генетичен профил по географска локализация. Това е в подкрепа на полифилетичния произход на домашния кон. При сравняване генетичната информация при местните и съвременните популации коне с археозоологичен материал от диви коне е установен специфичен средноазиатски профил при древните проби (26,29). Подобен профил показва и местния Рило-родопски кон. Представените данни за първи път отразяват генетичното разнообразие на изчезналия див кон. Те разширяват информацията за произхода на домашните коне, формирането и разпространението на местните породи.

Кандидатът провежда молекулярни и популационни изследвания при вида *Canis lupus familiaris*. Проследено е генетичното разнообразие при три местни породи кучета – Българско гонче, Каракачанско и Български барак (11). Въз основа на секвенционен и филогенетичен анализ е доказан различен генетичен профил и произход при ловните кучета и овчарското каракачанско куче, при което е установен клад D2, характерен за средиземноморските популации. Резултатите имат значение за изясняване произхода на българските местни породи кучета. В сравнителен аспект е изследван генетичния профил на древни кучета чрез анализ на секвенции от D-loop регион (6). Доказано е генетично сходство на древните български популации с италианските и иберийските популации. Представени са данни за генетичния им профил като за първи път е доказан клад В при балканските кучета и вълци, което предполага техния Балкански произход.

Молекулярни и популационни изследвания са проведени при вида *Sus scrofa domestica* (7). Нейният генетичен профил показва сходство с популации от Мала Азия. Съхранението на Източнобалканската свиня като представител на най-древните европейски популации свине има значение за опазване на националния генофонд и получаване на екологични месни продукти.

Четвъртото направление показва последователност в научните разработки на кандидата. Доц. Христов изследва генетичния полиморфизъм на млечни протеини при местни и съвременни породи говеда, както и популационната структура, произхода и биогеографията на говедото. При изследванията се извършва анализ на гени на млечни протеини при домашното говедо, които за България имат оригинален характер (1,11,13,15,20-23,27,29,14). Генотипирането на млечните протеини при двете съвременни млечни породи говеда /Българско родопско и Черношарено/ е осъществено чрез метода

PCR – RFLP. Данните показват икономически значими разлики между генетичните варианти на тези белтъци и млечната продуктивност, между показателите на млякото и технологичните му свойства (22). Направеният анализ на млечните протеини доказва, че най-голямо генетично сходство има при Късорогото родопско говедо и популациите на говеда от Средноземнорieto (12,13,14,19). Установена е зависимост между алелите на гена за капаказеин и големината на мицелите. За първи път в България е осъществено проучване върху определяне големината на казеиновите мицели в млякото чрез метода динамично свето-разсейване (10,2). Това дава възможност за повишаване и подобряване качествените показатели на млечните продукти.

Представеният списък с публикации показва, че кандидатът има принос и при разработването на молекулярно-генетичен анализ при паразитни червеи (*Fasciola hepatica* и *Trichinella spiralis*) (3,8,9,16,18,26,28) и почвени нематоди (6,8,18,19,21).

Приемам изцяло формулираните от кандидата научни приноси в отделните направления.

**Значимост на получените резултати, доказана с цитирания, публикации в престижни списания и др. научни и научно-приложни постижения на кандидата.**

Доц. Христов представя 126 цитирания, като всички са в публикации от научни списания с ИФ. Неговият H индекс е 8. Това показва добра разпознаваемост на изследванията на кандидата сред научната общност. Цитиранията са отражение на значими научни приноси, които са публикувани в специализирани международни научни списания като PloS ONE, Parasit. Res, Genet. Mol. Res., ZooKeys и др. Доц. Христов представя 29 публикации извън тези за ОНС “д-р” и придобиване на научната длъжност доцент. Тук влизат 2 глави от книги, публикувани в чужбина (InTech), 2 работи в 2 тематични сборника и 25 научни публикации /при изискуеми 20 бр/. Той е първи автор в 10 от тях, което показва неговата водеща роля в изследванията. 21 от представените трудове са с ИФ. Освен това с негово участие са направени значителен брой депозити на нуклеотидни последователности в GenBank.

**Най-значими научно-приложни постижения на кандидата**

Основните приноси на кандидата са свързани с молекулярно-генетични изследвания с цел опазване и подобряване на генетично разнообразие при селскостопанските животни. Те могат да са основа на съвременни биотехнологии в различни отрасли на животновъдството.

Д-р Христов проучва актуални проблеми свързани с пчеларството. Изследванията на основните причинители на заболяванията по пчелните семейства /паразитни и вирусни/ имат важно стопанско и здравно значение. Проучване на генетичното разнообразие и произход на основните патогенни причинители е база за правилна диагностика, навременна профилактика, борба и контрол на тези заболявания.

Определянето на генетичния профил на местната пчела е значим принос за запазване на биоразнообразието в България.

Получена е подробна информация за произхода, одомашняването и разселването на местни породи говеда, овце, кучета и коне, която е важна за изготвяне на актуална стратегия за запазване на тези застрашени от изчезване животни. Приносите от анализа на генетичния профил и филогенията при местните селскостопански породи животни имат значение за генетичното подобряване и запазване на техните популации. Генетичните изследвания при местните породи кучета могат да намерят приложението в кинологията.

Генетично-молекулярните изследвания при местните породи говеда е база за повишаване количеството и качеството на млечната продукция при тях. За първи път в България е изследвана големината на казеиновите мицели в млякото чрез метода динамично свето-разсейване, което може да се използва в съвременните технологии.

Голяма част от научните разработки на д-р Христов са иновативни и са осъществени за първи път у нас. Наблюдава се последователност и насоченост към практическо приложение на направените от него проучвания.

#### **Участие и ръководство на научни изследвания.**

Доц. Христов е участвал в общо 9 научно-изследователски проекта по национални и международни научни програми. Ръководител е бил на 2 национални проекта по ФНИ, участник в научния колектив на още 3 проекта по ФНИ, на един проект по програма TEMPUS и на един - по 6-та Рамкова Програма, в ОП „Развитие на човешките ресурси“ и един по ЕБР. Той показва активна научна-изследователска проектна дейност, която е отразена в научните направления разработвани от него. От проектната дейност на доц. Христов проличава, че той притежава комуникативност, опит и организационни способности за изпълнение и ръководене на научно-изследователски проекти.

#### **Ръководство на млади учени.**

Д-р Христов е научен консултант на редовен докторант към секция „Биоразнообразие и екология на паразитите към ИБЕИ-БАН.

Препоръчвам на доц. Христов да насочи своите усилия не само към научно-изследователска работа, но и към образователна дейност. Той има възможности да ръководи дипломанти и докторанти с успех.

#### **Научен профил на изследванията на кандидата.**

Доц. Христов има ясно очертан профил в областта на генетиката, молекулярната диагностика на популационно и видово ниво, базирана на съвременни молекулярно-биологични и биоинформатични методи. Неговите изследвания имат иновативен характер, с приложно и фундаментално значение.

**Лични впечатления.**

Д-р Христов познавам от постъпването му на работа в ИЕПП-БАН през 2006 г. Още тогава ясно личеше интересът му към научни изследвания, към задълбочаване и разширяване на познания му в областта на генетиката и молекулярната биология. Доц. Христов има ясно изграден стил и организация на работа, и в неговите научни разработки проличава последователност, целенасоченост и компетенция. Успешно работи в колаборация с колеги от различни научни специалности.

**Критични бележки**

Представените материали са добре комплектувани и нагледно подредени. Авторската справка за приносите е прекалено подробна. Има някои малки пропуски. Броят на цитиранията от представения отделен списък е 122, а в таблиците за минималните изисквания 2 и 3 е 126. В публикация 23 са дадени първите имена на съавторите без фамилиите им.

**Заклучение.**

Документите и материалите представени от доц. д-р Петър Христов отговарят на изискванията на ЗРАСРБ, Правилника за неговото прилагане и съответния правилник на ИБЕИ-БАН. Кандидатът е представил достатъчен брой значими научни трудове, публикуване след придобиване на академичната длъжност „доцент“. Представеният брой публикации, брой такива в издания с ИФ, брой цитирания, в т.ч.в издания с ИФ и значително участие в научно-изследователски проекти надхвърлят критериите заложиени от ЗРАСРБ.

Представените материали, фундаментални и приложни приноси, обемът и насоките на изследвания на доц. Христов ми дават основание да препоръчам на уважаемото научно жури да изготви доклад-предложение до Научния съвет на ИБЕИ за избор на доц. д-р Петър Иванов Христов на научната длъжност „професор“ в ИБЕИ по научна специалност „Генетика“ за нуждите на изследователска група „Молекулярно-еволюционни изследвания“, секция „Биоразнообразие и екология на паразитите“, отдел „Животинско разнообразие и ресурси“ към ИБЕИ- БАН.

07.12.2020 г.

Рецензент :

/Проф. М. Габрашанска/