

РЕЦЕНЗИЯ

за заемане на академична длъжност „професор“

ОБЯВЕН КОНКУРС: *Професор* по професионално направление **4.3. „Биологични науки (Генетика)“** за нуждите на изследователска група "Молекулярно-еволюционни изследвания", отдел „Животинско разнообразие и ресурси", публикувана в Държавен вестник бр. 73/18.08.2020 г.

ИЗГОТВИЛ: *доц. д-р Светослав Георгиев Димов*, ръководител Катедра „Генетика“, Биологически факултет на СУ „Св. Климент Охридски“

Заявление за участие в обявения конкурс е *подал един единствен кандидат – доц. д-р Петър Иванов Христов*, Институт по биоразнообразие и екосистемни изследвания към Българска академия на науките, Секция „Биоразнообразие и екология на паразитите“, Отдел „Животинско разнообразие и ресурси“, ИГ "Молекулярно-еволюционни изследвания".

1. ОБЩИ СВЕДЕНИЯ ЗА ПРОФЕСИОНАЛНАТА КАРИЕРА НА КАНДИДАТА

1.1. ОБРАЗОВАНИЕ

Доц. д-р Петър Христов е роден на 22 февруари 1975 г. в гр. Плевен. През 1993 г. завършва Природоматематическата гимназия със засилено изучаване на математика в гр. Плевен. През 1999 г. придобива ОКС „Магистър по ветеринарна медицина“ в Ветеринарно-медицински факултет на Тракийски Университет в гр. Стара Загора. През 2005 г. защитава дисертационен труд за придобиване на ОНС „Доктор“ в Институт по биология и имунология на размножаването към Българска академия на науките на тема „Определяне на оптималния момент за изкуствено осеменяване на крави“ по Научна специалност 04.02.01. „Развъждане на селскостопански животни, биология и биотехника на размножаването“. В периода 2007-2010 г. завършва специализирани курсове: „Паразитология и хелминтология“ (2008 г.), „Геномика“ (2009 г.) „Молекулярно-генетични изследвания и приложението им в практиката“ (2010 г.), „Съвременни електронномикроскопски техники“ (2010 г.) „Молекулярна таксономия,

филогения и екология” (2010 г.) и „Репликация, транскрипция, трансляция, клетъчно делене-морфологичен аспект” (2010 г.).

Кандидатът владее английски и руски език.

1.2. ПРОФЕСИОНАЛНА КАРИЕРА

Професионалната кариера на доц. Петър Христов започва през 2004 г., когато е назначен на длъжност „специалист“ в Лаборатория за генетични изследвания и опазване на биорознообразието при селскостопански животни към Института по експериментална патология и паразитология на Българска академия на науките, където през 2006 г. е преназначен на длъжност „научен сътрудник I степен“. През 2009 г. постъпва на работа в Института по биоразнообразие и екосистемни изследвания към Българска академия на науките, където се хабилитира през 2015 г. и където работи до момента.

1.3. ПРИДОБИТ ПРОФЕСИОНАЛЕН ОПИТ И УМЕНИЯ

Освен придобития опит по време на обучението му в различните образователни институции, както и по време на професионалната му кариера на изследовател, доц. Петър Христов придобива професионални умения в следните области: различни молекулярно-биологични техники (ДНК технологии, клониране, PCR, рестрикционен ензимен анализ и др., основни биохимични техники (SDS-PAGE, Western Blotting, имунологична детекция и др.), структурна биохимия и работа с биологични бази данни. Притежава високи компетенции в работата с различни видове не-специализиран и специализиран софтуер, както и умения за работа с различни видове биологични бази данни.

2. НАУЧНО-ИЗСЛЕДОВАТЕЛСКА ДЕЙНОСТ

2.1. НАУЧНИ ИНТЕРЕСИ И ОСНОВНИ НАПРАВЛЕНИЯ НА ИЗСЛЕДОВАТЕЛСКАТА ДЕЙНОСТ

Основните научни интереси и направления на изследователската дейност на доц. Петър Христов са пряко свързани с направлението на обявения конкурс – „Генетика“, тъй като основните групи от научни интереси, свързани с неговата научно-изследователска работа, са в следните четири области: проучване на биоразнообразието при месната пчела *Apis mellifera rodopica*, молекулярна

идентификация и мониторинг на актуални заболяванията по пчелите (паразитни и вирусни) с акцент върху генетичното разнообразие и произход на патогенните причинители, молекулярно-филогенетични изследвания на местни породи животни и археозоологичен материал и генетичен полиморфизъм на млечни белтъци при местни и съвременни породи говеда с отчитане на популационната структура, произход и биогеографията на вида.

*2.1.1. Проучвания върху биоразнообразието на *Apis mellifera rodopica*, молекулярна идентификация и мониторинг на актуални заболяванията по пчелите*

През 2016 г. доц. Петър Христов печели проект към Фонд „Научни изследвания“ с тематика биоразнообразие и актуални заболявания при медоносната пчела, чиято реализация води до следните съществени научни преноси: за първи път в България е използван секвенционен анализ на фрагмент от митохондриалния ген COI (цитохром с оксидаза субединица I) при проучване генетичното разнообразие при местната пчела *Apis mellifera rodopica*, при което е установено, че *Apis mellifera rodopica* притежава специфичен генетичен профил, т.е. налице е на допълнителен фрагмент (наречен D1) и този фрагмент не е част от митохондриалния ген и няма аналогия с публикуваните в GenBank последователности. Резултатите дават възможност за използването на *col* гена като подходящ генетичен маркер за разграничаване на *Apis mellifera rodopica* от интродуцираните в България подвидове - *A. m. carnica*, *A. m. ligustica* и *A. m. caucasica*. Те позволяват обособяването на местната родопска пчела като отделен подвид, а не като локален екотип на *A. m. macedonica*.

В допълнение доц. Петър Христов прави и теоретични изследвания на основата на литературни източници за значението на домашната пчела като основен опрашител, както и такива, целящи изясняването на основните биотични и абиотични фактори водещи до значително редуциране на пчелните популации в световен мащаб.

2.1.2. Молекулярна идентификация и мониторинг на някои заболяванията по пчелите

Секвенционен и филогенетичен анализ на *Varroa destructor*. В рамките на споменатия проект е осъществен секвенционен и филогенетичен анализ на два митохондриални гена (COI и *cytb*) с оглед изясняване генетичното разнообразие и произхода на *Varroa destructor*, като е установена най-висока хомология със силно

патогенния корейски хаплотип (K1), доказващо, че *Varroa destructor* е ивазивен вид за европейската пчела (*Apis mellifera*).

Молекулярна детекция и филогенетичен анализ на най-често срещаните вируси по пчелните семейства. Извършена е молекулярна детекция на шест от най-често срещаните вируси по пчелните семейства (деформиращ крилата вирус – DWV; вирус на острия паралич – ABPV; вирус на хроничния паралич – CBPV; мехурчест гнилец – SBV; кашмирски вирус - KBV и вирус на черната пчелна майка - BQCV)

1. Установено е принадлежността на DWV към най-патогенния щам тип А. Определено е най-голямо генетично сходство на българските щамове с щамове от Турция и Средиземноморските държави и са представени данни, че европейските щамове на DWV образуват множество различни генетични кладове, без ясно регионално разпределение. Това предполага, че разпространението на DWV е настъпило едновременно в цяла Евразия.

2. Доказване на ролята на *Varroa destructor* като вектор с оглед географското разпространение SBV. Представени са данни относно най-голямото генетично сходство на европейските и американските щамове с азиатски и е установено, че българските щамове показват най-голяма хомология с тези от Тихоокеанския регион, говорещо за нов, неизяснен досега път на разпространение на SBV в Европа.

3. Наблюдение при BQCV, че е налице най-голямо сходство на българските щамове с такива от Централна Европа. Данните потвърждават обособяването на три основни центъра в Европа в зависимост от генетичното разнообразие на вируса – Западен, Централен и Югоизточен. Установено е присъствието на азиатски щамове във всеки един от основните центрове, което, подобно на SBV, потвърждава роля на *Varroa destructor* при разпространението на BQCV.

4. Установено най-голямо генетично сходство на ABPV с щамове от Централна Европа. Представени са данни относно формирането на три основни клада в Европа в зависимост от генетичното разнообразие на ABPV – два от тях обхващат Централна Европа и трети генетично различен, от първите два, разпространен в Англия.

Молекулярна детекция и секвенционен анализ на микроспоридийни паразити. Представени са данни от изследването на двата основни причинителя на нозематозата по медоносната пчела - *Nosema apis* и *Nosema ceranae* в България на базата на дуплексен PCR анализ на рибозомалния 16S rDNA ген. Установено е присъствие единствено на по-вирулентния вид *Nosema ceranae*. Представени са данни относно

естествените гостоприемници на двата микроспоридийни вида - *Nosema apis* (Европейската пчела, *Apis mellifera*) и *Nosema ceranae* (Азиатската пчела, *Apis cerana*). Направеният анализ потвърждава данните, че *Nosema ceranae* (инвазивен вид за Европа) доминира в много райони на света. Анализирани са възможни начини за интродуцирането на *Nosema ceranae* в Европа.

2.1.3. Молекулярно-филогенетични изследвания на местни породи животни и археозоологичен материал

Молекулярни и популационни изследвания при вида *Bos taurus*.

Анализирано е генетичното разнообразие на две местни породи говеда – Късорого родопско и Сиво на базата на секвенционен анализ на митохондриалния D-loop регион, като са установени са специфични генетични профили при двете породи говеда. Анализирани са древни проби от говедо и неговия предшественик тур (*Bos primigenius*) обхващащи периода Новокаменна епоха-Средновековие на базата на митохондриалния D-loop регион. Дефинирана е нова хаплогрупа, наречена Т6, специфична само за Балканския полуостров. Показана е принадлежността на българския тур към макрохаплогрупа Т, специфична за южноевропейските популации. Резултатите от тези изследвания имат съществен принос относно изясняване процесите на одомашняване и миграция на вида в Неолитна/Халколитна Европа. Съпоставени са данните от получените резултати при изследване генетичното разнообразие при Късорогото родопско говедо и от археозоологичния материал от тур и говедо. Установено е присъствието на новооткритата Т6 от древни проби при популацията на Късорогото родопско говедо. Присъствието на хаплогрупата Т6 само при Късорогите говеда на Балканския полуостров и при изследваните древни проби дава основание да се определи тази порода като най-старата европейска порода говеда.

Молекулярни и популационни изследвания при вида *Equus caballus*.

Анализирана е генетичната структура на популациите на три местни планински породи коне – Каракачански, Старопланински и Рило-Родопски на базата на митохондриалния D-loop регион. Установен е специфичен генетичен профил при трите изследвани породи. Каракачанският и Старопланинският кон показват сходен, типичен европейски профил, доказателство за древен и местен произход. При Рило-Родопският кон е установен напълно различен генетичен профил – обмяна на генетичен материал (интрогресия) с централно-азиатски породи коне. Разгледани са възможни хипотези относно произхода

на трите местни породи. Анализирани са генетичното разнообразие и на две съвременни български породи коне – Плевенски и Източнобългарски с оглед изясняване на произхода им, като получените данни показват различна генетична структура на изследваните породи. Изследвано е генетичното разнообразие при диви коне на базата археозологичен материал обхващащ периода Ранен Неолит – Ранна Бронзова епоха, като е установен специфичен средноазиатски профил при изследваните древни проби.

Молекулярни и популационни изследвания при вида *Canis lupus familiaris*. Анализирани са генетичното разнообразие на три местни породи кучета – Каракачанско, Български барак и Българско гонче с оглед изясняване на произхода и еволюцията им. Извършен е секвенционен и филогенетичен анализ на базата на получените секвенции от митохондриалния D-loop регион. Получените от изследването данни показват различен генетичен профил при ловните породи (Български барак и гонче) спрямо овчарското Каракачанско куче. Анализираните данни показват типичен европейски профил и различен произход при ловните породи и овчарското куче. Генетичният профил показва възможен произход на ловните породи от древни централно европейски популации, а при овчарското куче от популации от Средиземноморския регион. Представени са данни относно генетичното разнообразие на древни кучета, датирани от Ранен Неолит (8th хил. пр. Хр.) до Късната Античност (до 3 век сл. Хр.) в България като е извършен е филогенетичен анализ на получените секвенции от D-loop региона. Установено е генетично сходство на древните български кучета с италиански и иберийски популации. Получените от изследването резултати дават възможност за поставяне на ясна граница между генетичната структура на Южноевропейските популации и популациите в Западна и Централна, Източна и Северна Европа. Анализирани са данни относно генетичната структура на популациите на древния вълк, като прародител на домашното куче, с оглед търсенето на генетично сходство с установените кладове при изследваните древни кучета.

Молекулярни и популационни изследвания при вида *Sus scrofa domestica*. Анализирани са генетичното разнообразие на популацията на Източнобалканската свиня в Югоизточна България. Извършен е секвенционен и филогенетичен анализ на изследвания митохондриален D-loop регион с оглед изясняване на произхода. Установено е, че генетичната структура на популацията показва висока честота на Азиатския клад А, спрямо Европейския E1a1. Установеният генетичен профил показва

сходство на местната популация с популации от Мала Азия, което предполага най-вероятния и произход, поради териториалната близост на двата географски региона.

2.1.4. Генетичен полиморфизъм на млечни белтъци при местни и съвременни породи говеда

Представени са данни относно генотипирането на съвременни млечни породи говеда (Българско родопско и Черношарено) в България по основните гени за млечни белтъци - казеини (α 1-казеин (CSN1S1) и к-казеин (CSN3)) и суроватъчен белтък (β -лактоглобулин (LGB)) посредством PCR-RLFP анализ. Установени са най-често срещаните алелни варианти на изследваните млечни белтъци при всяка порода. Направена е връзка между отделни алели с количествени и качествени показатели на кравето мляко. Представена е схема относно селекция и развъждане на животни притежаващи алели, обуславящи ценни признаци, с цел генетичното усъвършенстване на млечните породи говеда. Направен е литературен анализ на основните методи използвани за генотипиране на млечни белтъци при говедото. За първи път в България е осъществено проучване относно определяне големината на казеиновите мицели в млечни проби посредством метода динамично светоразсейване (Dynamic Light Scattering, DLS). Установена е корелация между големина на мицела с някои алелни варианти на к-казеина (CSN3). Представени данни относно генотипиране на местни породи говеда (Късорого родопско и Сиво) по някои гени от казеиновия локус (α 1-казеин (CSN1S1) и к-казеин (CSN3)) с цел изясняване популационната структура, произхода и биогеография на вида чрез PCR-RLFP анализ.

2.1.4. Други научно-изследователски интереси и приноси

Доц. Петър Христов е участвал като съавтор и в изследвания върху паразитни червеи и почвени нематоди, както и в изследвания относно анализиране на генетичната структура при Късорогото родопско и Българското родопско говедо на базата на ДНК микросателитен анализ по пет полиморфни локуса.

2.2. ПУБЛИКАЦИОННА ДЕЙНОСТ

Общият брой на научните публикации в специализирани издания на доц. Петър Христов възлиза на 61 (включвайки и автореферата на дисертационния му труд за придобиване на ОНС „Доктор“). От тях 7 са в тематични сборници, 5 са в български

неиндексирани издания, 13 са в български индексирани издания, 5 са в международни издания без импакт фактор и 26 в международни издания с импакт фактор. Автор е и на 4 глави от книги, както и на една рецензия на книга, издадена на английски език. 32 от научните публикации са вече рецензирани при придобиването на ОНС „Доктор“ и последващата му хабилитация. В настоящия конкурс кандидатът участва с общо 28 научни публикации, от които 2 в тематични сборници, 1 в българско неиндексирано списание, 1 в българско международно индексирано списание, 3 в чуждестранни списания без импакт фактор и 19 в чуждестранни списания с импакт фактор. В настоящия конкурс са представени и 2 глави от книги, както и една рецензия на книга.

Съгласно минималните държавни изисквания по показателите в Закона за развитието на академичния състав в Република България за направление 4.3. „Биологически науки“ за заемането на академичната длъжност професор, свързани с публикационната дейност, в група показатели „В“ кандидатът има 100 т. при минимални изисквания от 100 т., а в група показатели „Г“ – 355 т. при минимални изисквания от 200 т. Въз основа на тези данни смятам, че публикационната активност, отчитаща единствено публикациите, с които кандидатът участва в настоящия конкурс, не само отговаря на минималните държавни изисквания, но ги превишава.

2.3. НАУКОМЕТРИЧНИ ПОКАЗАТЕЛИ

Към настоящия момент броят на забелязаните цитирания без самоцитирания и свързани цитирания на научните публикации на доц. Петър Христов е над 126. Неговите други наукометрични показатели съгласно международно признатите стандарти са както следва: в базата данни Scopus има *h*-индекс 8, а в Research gate – *RG score* 25,69 и *h*-индекс 9.

Съгласно минималните държавни изисквания по показателите в Закона за развитието на академичния състав в Република България за направление 4.3. „Биологически науки“ за заемането на академичната длъжност професор, свързани с цитиранията на научните трудове, в група показатели „Д“ кандидатът има 252 т. при изисквани 100 т., с което кандидатът не само отговаря на минималните държавни изисквания, но и ги превишава два пъти и половина.

2.4. УЧАСТИЯ В НАУЧНИ ПРОЕКТИ

Доц. Петър Христов има участие в общо 9 научни проекта. Той е ръководител на 1 и участник в 4 национални научни проекти, финансирани от Фонд „Научни изследвания“ и участник в 2 научни проекта, финансирани от други институции. Бил е ръководител на и на 1 национален научен проект в конкурса за млади учени, финансиран от Фонд „Научни изследвания“.

Съгласно минималните държавни изисквания по показателите в Закона за развитието на академичния състав в Република България за направление 4.3. „Биологически науки“ за заемането на академичната длъжност професор, свързани с проектна дейност, в група показатели „Е“ кандидатът има 151 т. (без да се включва научно ръководство на докторант) при минимални изисквания от 150 т., поради което смятам, че отговаря на минималните държавни изисквания.

3. НАУЧНО РЪКОВОДСТВО НА ДОКТОРАНТИ

Доц. Петър Христов е научен консултант на един успешно защитил докторант и на един незащитил докторант. Ако научното консултантство бъде приравнено към съ-ръководство на докторант, то съгласно минималните държавни изисквания по показателите в Закона за развитието на академичния състав в Република България за направление 4.3. „Биологически науки“ за заемането на академичната длъжност професор, свързани с проектна дейност, кандидатът получава още 16,7 т. в група показатели „Е“.

4. АДМИНИСТРАТИВНА АНГАЖИРАНОСТ

4.1. УЧАСТИЯ В РЕДАКЦИОННИ КОЛЕГИИ НА НАУЧНИ СПИСАНИЯ

Доц. Петър Христов участва в колегията на рецензентите на престижното международно списание Pathogens (ISSN 2076-0817) с импакт фактор 3,018.

4.2. РЕЦЕНЗИИ

Доц. Петър Христов е бил оценител на предложение за COST Action "BeeExtend".

5. ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Съгласно минималните държавни изисквания по показателите в Закона за развитието на академичния състав в Република България за направление 4.3. „Биологически науки“ за заемането на академичната длъжност професор, в групите показатели „А“, „Б“, „В“, „Г“ и „Д“ кандидатът събира общо 752 т. при минимални изисквания от 450 т., а в група показатели „Е“ – 168,7 т. при минимални изисквания от 150 т. Отделно от тези чисто формални данни, след като се запознах с научното израстване на доц. Петър Христов, стигнах до заключението, че той отговаря и на изискванията на Правилника за условията и реда за придобиване на научни степени и за заемане на академични длъжности в Института по биоразнообразие и екосистемни изследвания при Българска академия на науките. Научно-изследователската му работа е в няколко основни научни направления и притежава ясно подчертан профил. Значимостта на научно-изследователската му работа е доказана чрез реализацията на научни публикации в реномирани, импактирани и индексирани специализирани издания. Под негово ръководство са осъществени успешно два научни проекта, което е доказателство, че притежава необходимите за това умения, а общата стойност на привлеченото външно финансиране възлиза на 170 000 лв. Значителен е и приносът му за обучението на млади кадри, тъй като освен, че е научен консултант на двама докторанти, в научните проекти, в които той участва, участват и млади учени, които могат да се възползват от неговия професионален опит. Всичко това ми дава основание **да препоръчам убедено на колегите от Научното жури то да даде положителна оценка и да препоръча на Научния съвет на Института по биоразнообразие и екосистемни изследвания при Българска академия на науките да назначи доц. Петър Иванов Христов на академичната длъжност „професор“ по професионално направление 4.3. „Биологични науки (Генетика)“ за нуждите на изследователска група "Молекулярно-еволюционни изследвания", отдел „Животинско разнообразие и ресурси“.**

София, 10 декември 2020 г.

Подпис:

/доц. д-р Светослав Димов/