

РЕЦЕНЗИЯ

По конкурс за заемане на академичната длъжност “Доцент” по направление “Биологични науки”, специалност “Генетика” за нуждите на изследователска група “Молекулярно-еволюционни изследвания”, секция “Биоразнообразие и екология на паразитите”, отдел “Животинско разнообразие и ресурси” на ИБЕИ-БАН, обявен в брой № 48 на Държавен вестник от 7.6.2024 г.

Кандидат: гл. ас. д-р Бойко Стойков Неов

Рецензент: проф. д-р Анета Костадинова, ИБЕИ-БАН

На обявения конкурс (ДВ, бр. 48/7.6.2024 г.) за доцент по генетика към секция “Биоразнообразие и екология на паразитите”, отдел “Животинско разнообразие и ресурси” към ИБЕИ-БАН се е явил като единствен кандидат д-р Бойко Стойков Неов, понастоящем главен асистент в същата секция.

1. Общи данни за кариерното и тематичното развитие на кандидата

Бойко Неов завършва висше образование в СУ “Св. Климент Охридски” като магистър със специализация “Физиология на животните и човека”) през 2010 г. Работил е като технически сътрудник в Института за ядрени изследвания и ядрена енергетика (БАН) (2004-2006 г.) и като биолог в Института по биофизика и биомедицинско инженерство (БАН) (2008-2012 г.). От януари 2012 г. до 2021 г. е назначен в ИБЕИ-БАН първоначално като биолог, а по-късно като главен асистент в отдел “Животинско разнообразие и ресурси”. През 2021 г. защитава дисертационен труд на тема “*Еволюционни процеси при формиране на разнообразието на хименолепидидните цестоди по насекомоядните бозайници от семейство Soricidae*” за присъждане на научна и образователна степен “доктор” по научната специалност “Паразитология и хелминтология”.

2. Публикации представени във връзка с конкурса

За участие в настоящия конкурс д-р Неов е представил списък от 25 публикации (извън 2, свързани с дисертацията, които не се рецензират, но се взимат предвид при общата оценка на научната дейност на кандидата) както следва: 1 глава от книга публикувана в международно академично издателство; 20 статии публикувани в международни (17) и чуждестранни списания (3) с импакт фактор; 1 статия публикувана в чуждестранно списание без импакт фактор (с импакт ранг); и 3 статии публикувани в български

списания без импакт фактор (с импакт ранг). Кандидатът е първи автор на 5 публикации, втори – на 4, трети – на 6, четвърти – на 4, пети – на 4, шести – на 1, и осми – на 1. Осем (32%) от публикациите представляват литературни обзори (reviews). Индивидуалните приноси на съавторите са публикувани само в 12 статии – от тях става ясно, че д-р Неов е изготвил първия вариант на 7 статии (58%), осъществил е експериментите за 5 статии (42%), и е извършил анализите (означено като “software”) за 2 статии (17%). Тези данни са индикация, че кандидатът вероятно има подобен съществен принос и при изследванията, публикувани без посочване на индивидуалните приноси на съавторите. Като цяло, представените за конкурса публикации илюстрират един характерен за изследователската група на кандидата подход на изследване и (съ)авторство, който, въпреки че води до покриване на критериите за академичната длъжност доцент, не допринася за развитието и диференцирането на научния профил на кандидата. Все пак, молекулярно-генетичните изследвания върху произхода и еволюцията на домашни животни и техни родственици преобладават количествено и качествено (12 статии, приноси 1-9, 16), и по мое мнение могат да се приемат за основно направление на научно-изследователската дейност на кандидата, оформящо научния му профил. Въпреки, че друга основна част от публикациите е свързана с патогени и симбионти на медоносната пчела (11 статии, приноси 10-14, 16), само 5 от тях съдържат резултати от експериментални научни изследвания.

Като свой хабилитационен труд кандидатът е избрал 6 публикации – 5 в списания с импакт фактор (Q1: 1 статия [7]; Q2: 3 статии [4, 5, 8] и Q3: 1 статия [3]) и 1 в списание с импакт ранг (SJR)[6]). Четири от публикациите, включени в хабилитационния труд, представят резултати от генетични изследвания на микроспоридии (*Nosema* spp.) и вируси от *Apis mellifera* [4, 5, 6, 7] и една статия [3] върху трематод на риби; включен е и един литературен обзор върху филогеографията на лисавируси по прилепи в Европа [8]. Въпреки, че данните са непълни, считам, че д-р Неов има съществена, макар и нееднозначно водеща роля като член на авторския колектив при тези проучвания: втори автор е на 3 статии [3, 5, 6]; изготвил е първия вариант на 1 [4], осъществил е експериментите за 3 [3, 4, 5] и е извършил анализите за 1 [7] от тези публикации.

3. Основни направления в изследователската работа на кандидата и най-важни научни приноси

Приемам справката за научните приноси, представена от д-р Неов по принцип, но ще си позволя едно по-различно формулиране на научните приноси, основаващо се на съдържанието на представените за конкурса публикации.

(i) Молекулярно-генетични изследвания върху произхода и еволюцията на домашни животни и техни диви родственици

1. Проведено е първото пилотно генетично изследване на митохондриална ДНК (мтДНК) за две местни породи (дългорого сиво говедо и късорого родопско говедо) по материали от България. На основата на общо 20 секвенции на частичен регион от т.н. хипервариабилен регион на мтДНК (D-loop) са установени 5 хаплогрупи/суб-хаплогрупи (T1, T1a, T2, T3a и T3b) с предоминиране и при двете породи на специфичната за Европа хаплогрупа T3. Дефинирана е нова суб-хаплогрупа (T3c), установена само при късорогото родопско говедо [11, 12]. Приносът е с оригинален, но все пак предварителен характер, предвид малкия брой на секвенциите.

2. Проведени са проучвания на алелното разнообразие на гени за млечни протеини, свързани с количеството и качествата на млякото при местни породи говеда. Изследваните алелни форми на гените капа-казеин (CSN3) и алфа-S1казеин (CSN1S1) показват много по-високо алелно разнообразие при местните породи говеда, в сравнение с други местни породи говеда в Европа, както и че българските местни породи са сходни с популациите от Югоизточна Европа [9, 10]. Приносът е с оригинален, но все пак предварителен характер, предвид ограничения брой на пробите.

3. За първи път са генерирани секвенции на частичен регион на D-loop мтДНК при две български равнинни породи коне (Плевенски и Източнобългарски). Установени са специфични митохондриални профили: при Плевенската порода доминира европейската хаплогрупа L, следвана от средно-азиатската хаплогрупа C), а при Източнобългарския кон доминират със сходна честота централно-азиатската хаплогрупа Q и европейската хаплогрупа L [18]. Приносът е с оригинален характер.

4. Изследван е митохондриалният профил (D-loop регион) на три породи източноевропейски коне – Унгарски нониус, Дунавски кон и Сръбски нониус. Установени са 9 от 17 хаплогрупи, описани при съвременните коне. Установени са специфични генетични профили: при Дунавския кон доминира анадолската хаплогрупа G (45%), следвана от почти равен процент западноевразийските хаплогрупи L и M ($\approx 21\%$ всяка); при Унгарския нониус най-срещана е хаплогрупа M (44%), следвана от блискоизточната O'P (26%) и централноазиатските E и G ($\approx 13\%$ всяка); при Сръбския нониус силно доминира сравнително рядката европейска хаплогрупа D (67%), следвана от G (17%). Големият процент споделени хаплогрупи между Дунавския кон и Унгарския нониус

потвърждава общия произход на двете породи, докато специфичният генетичен профил на Сръбския нониус предполага различен, независим произход [22]. Приносът е с оригинален характер.

5. За първи път е проведено изследване с използване на 15 микросателитни маркера на генетичния профил на съществуващите шест бащини линии на Дунавския кон (Здравко, Нониус XVII-30, Торпедо, Лидер, Калиф и Храбър). Групирането на бащините линии в 3 отделни клъстера предполага различен произход на линиите Здравко и Храбър и общия произход на линиите Нониус XVII-30, Торпедо, Лидер и Калиф. Въпреки установеното ниско ниво на инбридинг в породата, малката численост на останалите животни е риск за бъдещето на породата; получената в хода на изследването информация може да се използва като база за бъдеща развъдна програма [24]. Приносът е с оригинален характер.

6. Проведено е генетично изследване на костни останки на кучета от Ранен Неолит (8000 г. пр. н.е.) до Античност (1-3-ти век от н.е.), открити при археологични изследвания в България. Анализът на 16 секвенции на частичен регион на D-loop мтДНК разкрива генетичен профил подобен на този при съвременните кучета и характеризиращ се с високи честоти на хаплогрупи А и В, липса на хаплогрупа С, както и слаба представеност на хаплогрупа D. Установяването в изследвания материал на хаплогрупа В, която се среща с висока честота при съвременните популации на сивия вълк и кучето на Балканите, е доказателство за нейното наличие в древна Евразия и е свързано с хипотезата за Балканите като център на одомашняване на кучето. Разпространението на хаплогрупи А и В в Европа в по-късно историческо време може да е свързано с разпространението на нови породи от Древна Гърция, Тракия и Римската Империя [14]. Приносът е с оригинален, но все пак предварителен характер, предвид малкия брой на секвенциите.

7. При изследване на 50 секвенции на частичен регион на D-loop мтДНК от източно-балканската свиня, считана за древна автохтонна порода, са установени 4 хаплотипа: 3 (Н1, Н2 и Н3) специфични за Азия и 1 (Е1а1) специфичен за Европа. За първи път са описани хаплотипите Н2 и Н3 [15]. Приносът е с предимно потвърдителен характер.

8. За първи път са генерирани секвенции на частичен регион на D-loop мтДНК от 7 проби от субфосилни костни останки от холоценски бизони от България. Филогенетичен анализ, включващ наличните в GenBank секвенции за род *Bison*, демонстрира групиране на изчезналите холоценски бизони от българските земи с тези от древните популации от

Франция, Австрия и Швейцария, но не и с тези от Централна Европа и изчезналата Кавказка популация. Резултатите са индикация, че балканският бизон е представлявал реликтна и вероятно изолирана популация [21]. Приносът е с оригинален характер.

9. Проведено е пилотно проучване за наличие на дефектен ген за хексозаминидаза А, водещ до болестта на Тай-Сакс при овце от породата Джейкъб. Не е открита патологичната мутация в изследвания специфичен фрагмент от гена (между екзон 11 и интрон 11) при изследваните 20 животни [23]. Приносът е оригинален, но с предварителен характер, предвид ограничения брой на пробите.

(ii) Молекулярно-генетични изследвания на патогени и симбионти на *Apis mellifera*

10. При генетичен анализ на 16S рДНК секвенции за *Nosema* spp. от *Apis mellifera* от три находища в България е установен само микроспоридийния паразит *Nosema ceranae* [4]. Приносът е с предварителен характер, предвид малкия брой на изследваните региони.

11. Проведено е първото в България генетично проучване за наличието на 6 вируса в индивиди от *Apis mellifera* от 50 колонии. Установени са 4 вируса: деформиращ крилата вирус (DWV); вирус на острия паралич (ABPV); мехурчест гнилец (SBV); и вирус на черната пчелна майка (BQCV). Един от тях (ABPV) е установен за първи път в България. Проведен е филогенетичен анализ с цел изясняване биогеографските особености и са предложени хипотези за пътищата на разпространение на установените вируси [5]. Приносът е с оригинален характер.

12. Демонстрирана е възможността за използване на “ДНК от околната среда” (environmental DNA) за откриване на пчелните паразити и патогени *Varroa destructor*, *Nosema apis* и *Nosema ceranae*. Само в 6 от 20 изследвани проби от мед е установена ДНК на *Nosema ceranae* [7]. Приносът е с потвърдителен характер.

13. Осъществен е молекулярен скрийнинг за патогени на *Apis mellifera* (два вида *Nosema* и 6 вируса). При изследване на проби от мед от пчелини в три региона на България (два равнинни и един планински) е установена ДНК на *Nosema ceranae* и 4 вируса (DWV, ABPV, SBV и BQCV). Резултатите разкриват значително по-висока срещаемост на положителни за *N. ceranae* проби от равнинните региони (Русе: 77.2%; София: 64.2%) в сравнение с планинския регион (Смолян: 5.2%) както и ниска срещаемост на положителни за четирите вируса проби (1.2–5.9%) [6]. Приносът е с оригинален характер.

14. Проведено е първото в България изследване на състава и структурата на микробиома на пчели от 2 кошера, един от равнинен район (град Бяла) и един от планински район (град Смолян) в България, на базата на секвениране на хипервариабилните региони V3–V4 на бактериалния 16S рРНК ген. Установени са 66 таксона, както и че бактерии от 7 рода (*Lactobacillus*, *Gilliamella*, *Bifidobacterium*, *Commensalibacter*, *Bartonella*, *Snodgrassella*, и *Frischella*) доминират (92-100%) бактериалните съобщества на пчелите. Анализите на алфа и бета разнообразието на тези съобщества разкриват значителни различия между планинските и равнинните пчели, като микробиомът на последните се характеризира с по-високо разнообразие, дължащо се на по-голямата представеност на недоминиращи таксони [26]. Приносът е с оригинален характер.

(iii) Други изследвания

15. Преописан е трематодът *Aphalloides coelomicola*, паразит на *Knipowitschia caucasica* в Атанасовското езеро. Осъществено е и молекулярно-генетично характеризиране (фрагмент от 28S рРНК гена). На основата на филогенетичен анализ са потвърдени принадлежността на *A. coelomicola* към монофилетичното сем. Cryptogonimidae и немонофилетичния статус на сем. Heterophyidae [3]. Приносът е с потвърдителен характер.

16. Публикувана е серия от литературни обзори (reviews) върху методи, използвани при генотипиране на пчелите в България [27], ролята на пчелите като опрашители, биотични и абиотични фактори, влияещи върху пчелната смъртност и загиването на цели кошери [13, 16, 17, 19, 20], филогеографията на лисавируси по прилепи в Европа [8], и хипотезите за произхода и центровете на одомашняване на конете [25].

4. Доказателства за значимостта на проведените изследвания

Кандидатът е представил списък от 277 цитирания, преобладаващата част от които (209, 75%) се отнасят за публикуваните литературни обзори. Цитиранията на експерименталните изследвания с приноси от група (i) са 24 (9%), а на тези с приноси от група (ii) са 28 (10%). Тези данни подкрепят актуалността на научните приноси на експерименталните изследвания на кандидата и по двете направления на изследване (т.е. > 20 цитирания само за едно направление). Трябва също да се отчете, че изготвянето на литературни обзори е дейност, оказваща съществено влияние и на оценката за ИБЕИ в БАН, поради типично големия брой цитирания, които носят тези публикации.

Заклучение: представените от кандидата данни за цитирания надхвърлят многократно минималните национални изисквания и тези на БАН за заемане на академичната длъжност “Доцент”, както и на Правилника за условията и реда за придобиване на научни степени и за заемане на академични длъжности в ИБЕИ-БАН.

5. Най-значими научно-приложни постижения

Експерименталните проучвания на д-р Неов върху автохтонните породи домашни животни (група i) и патогените на пчелите (група ii) в България може да са значими както за консервационната биология, така и за ветеринарната практика.

6. Демонстрирани умения или заложби за ръководене на научни изследвания

Автобиографията на кандидата не съдържа данни, но в справката за съответствие се вижда, че д-р Неов се включва ефективно в колективни изследвания; участвал е в 5 национални научни проекта (от тях 1 текущ) и в 1 международен проект.

7. Профил на научноизследователската работа

Д-р Неов е специалист с все още неясно очертан научно-изследователски профил, свързан с прилагане на молекулярно-генетични методи при решаване на разнороден кръг от проблеми и с използване на различни моделни системи. На основата на приложените за конкурса документи, молекулярно-генетичните изследвания върху домашни животни могат да се приемат за основно направление на научно-изследователската дейност на кандидата, оформящо научния му профил. Считаю, че след хабилитацията си той трябва да положи усилия за фокусирано развитие на своите изследвания. Убедена съм, че той може да допринесе за обогатяването и развитието на тематиката на изследователската група. В това отношение, едно надграждане на подхода и моделните системи на докторската дисертация би било плодотворно.

8. Роля на кандидата за обучението на млади научни кадри

В представените документи няма данни за участието на д-р Неов в обучение на млади научни кадри.

9. Критични бележки

(i) Статия 3: Въпреки, че в статията няма данни за дължината на алайнмента, използван за филогенетичната хипотеза, считаю, че той е доста къс, тъй като публикуваната нова 28S рДНК секвенция за *A. coelomicola* е 747 bp (т.е. домейни D2-D3 вместо D1-D3), а тази за

Centrovarium sp. VT-2007a е още по-къса (574 bp). В статията е посочено, че “All positions containing gaps and missing data were eliminated”, което е индикация за припокриване на секвенциите в рамките на много малък сегмент на гена.

(ii) Трябва да отбележа, че въпреки наличието на данни за индивидуалния принос на авторите в 12 от статиите, някои от тях са попълнени формално и доста общо и не позволяват да се открият приносите на кандидата в тези изследвания. Например, текстът в статия [7] “software, B.N., visualization, B.N” означава, че кандидатът е създал нов софтуер или е тествал съществуващ код (не отговаря на съдържанието на статията), и е изготвил Фиг.1 (карта на България с индикация за находищата на пробите – твърде несъществен принос за обосноваване на авторство). Това е само препоръка за отделяне на по-голямо внимание на тази част при бъдещи публикации.

(iii) В Таблица 3 на справка за съответствие кандидатът е посочил, че всичките цитирания на негови публикации са в международни издания с импакт фактор – това не отговаря на действителността.

Заклучение

Документите за участие в настоящия конкурс, представени от кандидата, отговарят на изискванията на Закона за развитието на академичния състав в Република България (ЗРАСБ), Правилника на БАН за прилагане на този закон и на критериите за заемане на научни длъжности на Научния съвет на ИБЕИ-БАН. Ето защо препоръчвам на научното жури да подкрепи и предложи на научния съвет на ИБЕИ-БАН избора на д-р Бойко Неов за доцент към секция “Биоразнообразие и екология на паразитите” към ИБЕИ-БАН.

2 октомври 2024 г.

Рецензент:

(проф. д-р Анета Костадинова)