

СТАНОВИЩЕ

По конкурс за заемане на академичната длъжност „доцент” в област 4. Природни науки, математика и информатика, професионално направление 4.3. Биологически науки, научна специалност „Генетика“, обявен в ДВ бр. 24/17.03.2023 г., за нуждите на Лаборатория „Геномна динамика и стабилност” към изследователско направление „Молекулярна биология и генетика” на Институт по физиология на растенията и генетика (ИФРГ) - БАН

От д-р Лиляна Георгиева Гилова, професор в ИФРГ - БАН, Лаборатория „Експериментална и приложна алгология”, понастоящем пенсионер

Единствен кандидат в обявения конкурс за заемане на академичната длъжност „доцент” по научна специалност „Генетика“ е гл. ас. д-р Георги Николаев Бончев.

Георги Бончев завършва магистратура по специалност “Биотехнологични процеси и апарати” (специализация Генно и клетъчно инженерство) в БФ на СУ „Св. Климент Охридски” през 1995 г. През 2011 г. придобива образователната и научна степен ”Доктор” по „Генетика“ въз основа на защитена дисертация на тема: Молекулярно-генетична характеристика на мутантни форми *sphaerococcum* при *Triticum aestivum* L. и Triticale с помощта на транспозони. От 2002 до 2010 г. е асистент в Институт по генетика – БАН, а от 2010 до 2014 г. в ИФРГ – БАН. От март 2015 г. досега, д-р Георги Бончев е главен асистент по специалност „Генетика“ в Лаборатория ”Геномна динамика и стабилност” на ИФРГ, като от края на 2017 г. е и. д. Ръководител на тази Лаборатория. Проведените в периода 2005-2019 г. пет специализации в реномирани университети в чужбина (Великобритания, Швейцария и Словакия) допринасят за обогатяване на неговите знания, умения и компетенции в прилагането на различни транспозон-базирани маркерни методи.

Общият брой научни публикации на д-р Бончев е **23** (Q1 – 9 публикации; Q2 – 5; Q3 – 3; Q4 – 3; публикации в рецензирани списания, неиндексирани в Web of Science и Scopus – 3; общ импакт фактор (JCR IF): **47.248**). За конкурса д-р Бончев представя **16** оригинални научни публикации, 3 от които обзорни. Всички са публикувани в списания с импакт фактор и импакт ранг (SJR). Осем от публикациите са в реномирани международни издания с висок JCR IF (от 4.658 до 7.299) и с Q1. Общият JCR IF е **44.669**. В 9 от публикациите е първи автор, включително единствен автор на един от научните обзори, а в 2 е кореспондиращ автор. Неговото лично участие във всяка една от съавторските публикации е коректно описано. Представеният списък на забелязаните цитирания в световните бази данни Scopus и WoS съдържа **66** позовавания на 12 от трудовете в които д-р Бончев е съавтор и на самостоятелния му обзор, като само за публикацията в *Molecular Ecology Resources*, 2013, цитиращите източници са 35. Активната научна дейност на д-р Бончев включва участието му с доклади (7) и постерни съобщения (19) в 14 международни и национални научни форуми.

Научно-изследователската работа на д-р Бончев е съсредоточена върху изучаване на структурната динамика на растителния геном в естествени и стрес-индуцирани условия и е пряко свързана с тематиката на обявения конкурс. В проведените изследвания, той въвежда и успешно прилага редица транспозон-базирани маркерни методи за генотипиране и оценка на естественото или мутантно генетично разнообразие при стопанско важни видове (ечемик, царевича, слънчоглед, пшеница), както и маркерната

методология ДНК баркодиране за таксономично идентифициране и оценка на генетичното разнообразие на растения от медицински интерес (мащерка, котешка мента, представители на род *Sideritis*), включващи ендемични видове и на фитопатогенни гъби. Представените за конкурса трудове съдържат съществени научни и научно-приложни приноси, сред които бих открила следните:

- Получени са нови данни за геномното разнообразие (FISH анализ) и моделите на метилиране (Southern blot анализ) на Ac- (maize Activator element) хомоложни последователности в индуцирани от етил метансулфонат (EMS) *sphaerococcum* мутантни форми на обикновена пшеница (*Triticum aestivum* L.) и тритикале (*X Triticosecale* Witt.). Показано е, че EMS повлиява стабилността на генома на пшеницата чрез повишаване на динамиката на Ac-подобните транспозони (статия **B4_5**, *J Appl Genetics* 2011, Г. Бончев е първи от четири автора).
- Получени са данни, допринасящи за изясняване на филогенетичните отношения, моделите на генетична дивергенция, етапите на одомашняване и еволюцията в род *Hordeum*, включващ културни и диви видове ечемик. Установено е, че *Hordeum agriocrithon*, вид с дискусионен произход и таксономичен статус, се характеризира със силно хетерогенна генетична структура, отразяваща хибридният му характер. В тези изследвания успешно са приложени базираните на ретро-транспозони маркерни методи REMAP (Retrotransposon Microsatellite Amplified Polymorphism) и за първи път iPBS (inter-priming binding site) (статия **B4_3**, *Genet Resour Crop Evol* 2019, Г. Бончев е първи от пет автора и статия **B4_4**, *J Mol Evol* 2017, Г. Бончев е първи от четири автора).
- В изследване върху динамиката на пет фамилии ретро-транспозони при северноамерикански популации *Arabidopsis lyrata* с помощта на маркерната система Transposon Insertion Display е показано значението на начина на размножаване (самоопрашване/кръстосано опрашване) в еволюцията на транспозоните. Установените профили на разнообразие на подвижни генетични елементи в рамките на, и между самоопрашващите, в сравнение с популациите с кръстосано опрашване са в подкрепа на модела на ектопична рекомбинация на еволюция на транспозоните (статия **G7_6**, *New Phytologist* 2018, Г. Бончев е първи от четири автора).
- Идентифицирани са инбредни линии на царевица, при които повишената степен на генетична отдалеченост (установена посредством REMAP анализ) корелира позитивно с хетерозисния ефект в техните хибриди (повишени височина на растението, диаметър на класа, брой редове зърна на клас). Тези инбредни линии и хибридите им са перспективни за използване в селекционни програми (статия **G7_7**, *Plant Genetic Resources* 2016, Г. Бончев е първи от трима автори).
- *Sideritis elica*, от Родопите, България е описан като нов за науката вид. Установените с класически морфологични подходи различия на *Sideritis scardica* и *Sideritis elica* са потвърдени от резултатите от молекулярни анализи чрез прилагане на ефективната съвременна методология за генетична таксономична идентификация на видове, ДНК баркодиране (статия **B4_1**, *Plants* 2022, Г. Бончев е трети от трима автори).
- Чрез прилагане на мултилокусен баркод анализ е направена детайлна видова диференциация и са установени филогенетични връзки в група от 26 изолата от род *Colletotrichum*, гъбни патогени нападащи важни за България зеленчукови култури от сем. *Solanaceae* (статия **G7_1**, *J Fungi* 2022, Г. Бончев е съкореспондиращ автор от осем автора).

Ползотворната научно-изследователска работа на гл. ас. Георги Бончев е свързана с активната му проектна, организационна и обучителна дейност. От 2004 г. досега участва в изпълнението на 8 финансирани проекта - 3 научни и 2 образователни национални проекта, 2 национални по програмата на Международната Агенция за Атомна Енергия (МААЕ) и 1 международен проект за техническо сътрудничество на МААЕ. Бил е ментор на двама студенти по проект „Студентски практики“. За отбелязване е дейността му като координатор на проект BULCode (2020-2023), по Национална програма „Европейски научни мрежи“, финансиран от МОН. В рамките на този проект, насочен към насърчаване на изследванията на биоразнообразието в България чрез ДНК баркодиране и създаване на мрежи за сътрудничество в тази област, са организирани и проведени редица обучителни и за обмяна на научен опит мероприятия. Основно постижение на проекта BULCode е, че от 2021 г. Институт по физиология на растенията и генетика е представително звено за България на консорциума International Barcode of Life (iBOL) и партньор на европейското звено на iBOL – Bioscan Europe (от 2022 г.). Д-р Георги Бончев е представителен член в Научния комитет на iBOL.

Бележка и препоръка: Обръщам внимание, че подходящата и ефективна методология е важно средство за постигане на оригинални и стойностни резултати, но самите резултати могат да имат приносен характер (освен в случай на разработен нов метод). В тази връзка, препоръчвам по-целенасочено и ясно формулиране на приносите, съдържащи се в някои от публикациите (**В4_2, Г7_4, Г7_5, Г7_7**). Относно статия **Г7_4**, например, в “Авторска справка за приносите” е написано: “ДНК баркодиране беше използвано за проучване на между- и вътревидовото генетично разнообразие при мащерка (род *Thymus*, статия **Г7_4**)“.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Запознаването с представените за конкурса материали показва, че кандидатът изпълнява, а по част от показателите надвишава изискванията за заемане на академичната длъжност „доцент“, определени в Закона за развитие на академичния състав в Република България, както и на тези, посочени в Правилника за специфичните условия и реда за придобиване на научни степени и за заемане на академични длъжности в Института по физиология на растенията и генетика, а именно: *Група показатели А* –минимално необходимите 50 точки са изпълнени; *Група показатели В*: минимално необходимите 100 точки са изпълнени; *Група показатели Г* - кандидатът събира 234 точки от минимално изисквани 220. Броят точки, които събира от научни публикации в група Г, в които кандидатът е посочен като кореспондиращ автор и/или първи автор, е 114, при необходим минимум от 110 точки; *Група показатели Д* - при минимални изисквания 100 т., кандидатът събира 132 точки; *Група показатели Е* - кандидатът събира 341 точки, което надвишава необходимия минимален брой от 70 точки почти 5 пъти. Стойностната научна продукция, значимостта на научните и научно-приложни приноси в трудовете му и активната проектна и обучителна дейност характеризират д-р Бончев като опитен и разпознаваем изследовател в областта на растителната генетика, способен да организира и ръководи научни изследвания. Всичко това ми дава основание **да подкрепя** присъждането на научната длъжност „доцент“ по специалност „Генетика“ на гл. ас. д-р Георги Николаев Бончев.

03. 07. 2023 г.
София

Член на научното жури:
/проф. Лиляна Гигова/