

РЕЦЕНЗИЯ

по конкурс за заемане на академичната длъжност „доцент” по професионално направление **4.3 Биологически науки**, специалност „Генетика”, обявен в ДВ бр. 24/17.03.2023 г. за нуждите на лаборатория „Геномна динамика и стабилност”, Институт по физиология на растенията и генетика – Българска академия на науките (ИФРГ-БАН)

Кандидат: д-р **Георги Николаев Бончев**, главен асистент в лаборатория „Геномна динамика и стабилност” на ИФРГ-БАН

Рецензент: д-р **Ирина Иванова Васева**, доцент в лаборатория “Регулация на генната експресия”, ИФРГ-БАН

Д-р Георги Бончев е единствен кандидат по обявения конкурс. Представеният комплект от документи за участие в процедурата е оформен съгласно изискванията на ЗРАСРБ и действащия Правилник за условията и реда за придобиване на научни степени и заемане на академични длъжности в ИФРГ-БАН.

1. Кариерно развитие

В периода 1990-1993 д-р Георги Бончев се обучава в Биолого-почвения факултет на Държавния Университет в гр. Санкт-Петербург, в катедрата по Генетика на растенията. През 1995 г. придобива магистърска степен по специалност „Биотехнологични процеси и апарати” със специализация „Генно и клетъчно инженерство” в Биологическия факултет на Софийски университет „Св. Климент Охридски”. Своя професионален път в сферата на научните изследвания кандидатът започва през 1999 г. в секция “Молекулярна генетика” на Институт по генетика – БАН, където последователно заема длъжностите специалист-биолог и асистент. По-късно, след реструктуриране на научните звена в рамките на Академията, д-р Бончев става част от колектива на лаборатория „Геномна динамика и стабилност” към ИФРГ – БАН. Тук той продължава изследователската си работа в областта на растителната генетика с фокус върху генетичните маркери. През 2011 г. придобива ОНС “Доктор”, с научна специалност “Генетика”, като защитава дисертация на тема „Молекулярно-генетична характеристика на мутантни форми тип *sphaerosocum* при *Triticum aestivum* L. и *Triticale* с помощта на транспозони”. Работата по докторантурата на кандидата е осъществена под ръководството на проф. д.б.н. Севдалин Георгиев и проф. д-р Любомир Стоилов. През 2015 г. д-р Бончев става главен асистент, а от декември 2017 г. изпълнява длъжността ръководител на лаборатория „Геномна динамика и стабилност” към ИФРГ-БАН. В хода на професионалното си развитие кандидатът придобива значителен международен опит в избраната научна област, осъществявайки няколко специализации в чужбина. През 2005 г., със стипендия, осигурена по програмата „*Marie Curie*”, д-р Бончев специализира в Университет Съсекс, където разширява своите познания в областта на молекулярните биомаркери като индикатори на абиотичен стрес. След защитата на докторската си дисертация, кандидатът осъществява едногодишна постдокторска специализация на тема „*Linking transposon dynamics with heat responsiveness and climate adaptation*”, по програмата SCIEХ на швейцарското правителство в лабораторията по „Еволюционна ботаника” на Университета на гр. Нюшател,. В периода 2014-2019 д-р Бончев реализира три последователни специализации в катедрата „Генетика”

на факултета по природни науки на Университет Коменius, гр. Братислава, по правителствени програми за професионална мобилност на учени. Там кандидатът разработва теми, свързани с използването на генетични маркери в еволюционната и популационна генетика. Основен предмет на специализациите в Словакия е прилагането на генетични маркери като изследователски инструмент за изучаване процесите, свързани с култивирането на представители от род *Hordeum* и *Triticum*.

Научните интереси на д-р Бончев са предимно в областта на популационната генетика и геномната динамика при растения. В своята изследователска работа той прилага различни молекулярни, статистически и биоинформатични анализи, като тясната му експертиза е свързана с използването на генетични маркерни методи, включващи ДНК баркодиране, SSR, AFLP, транспозонни маркери (SSAP, IRAP и REMAP). Член е на Научния комитет на консорциум International Barcode of Life (iBOL) като представител на българския институционален участник в организацията - ИФРГ-БАН. От 2022 г. д-р Бончев е и представително лице на ИФРГ-БАН в партньорската мрежа BIOSCAN Europe в рамките на iBOL.

2. Общи наукометрични данни

Общият брой точки, с които кандидатът участва в конкурса, е **857**, с което **значително надвишава изискуемия минимум** от 540 т. Представени са следните показатели съгласно Таблица 1 в Правилника за изпълнението на минималните национални изисквания от ЗРАСПБ за заемане на академичната длъжност „Доцент“ в ИФРГ-БАН:

- група А** (дисертационен труд за присъждане на ОНС „доктор“) – **50** т.
- група В** (научни публикации в издания, които са реферирани и индексирани в Web of Science и Scopus) – **100** т. (изискват се минимум 100 т.)
- група Г** (обща публикационна активност) – **234** т. (изискват се минимум 200 т.)
- група Д** (цитирания) – **132** т. (изискват се минимум 100 т.)
- група Е** (обобщаващи проектната активност на учените) – в тази категория кандидатът събира впечатляващ сбор от **341** т. (изискуем минимум – 70 т.)

Групи В и Г: Общият брой представени публикации е **23**, от които 20 описват оригинални резултати от научни изследвания и 3 са обзорни статии. Съгласно приложеното копие от автореферата, две публикации (№21 и №22) са използвани за придобиване на ОНС "доктор". Двадесет статии от списъка са реферирани и/или са публикувани в списания с импакт фактор. Разпределението им по квартали (JCR или SJR) е както следва: **9** статии с **Q1**, **5** статии с **Q2**, **3** статии с **Q3** и **3** статии с **Q4**. В 11 от статиите кандидатът е първи автор, като в конкурса следва да се вземат предвид 9 от тях. Според справката към списъка на всички научни публикации, в които д-р Бончев е съавтор, **общият JCR IF е 47.248**. В таблицата, изреждаща статиите в графата „Сума от JCR IF за съответната година на издаване“, включена в същия документ, срещу публикации №1, 4, 8 в списание Plants (IF=4.658, 2021) има липсваща информация (вероятно технически пропуск). Така преизчислен, **общият JCR IF на всички публикации се оказва по-висок от посочения и се равнява на 61.222**. Три статии от списъка (№ 16, 20, 22) са публикувани в нереферирани издания. Д-р Бончев представя подробна информация за депозираните от него ДНК баркод профили и секвенции в обществено достъпните база данни Barcode of Life Data System (BOLD) и National Center for Biotechnology Information (NCBI).

Група Д: Според приложената справка, направена в Web of Science (WoS) и Scopus, на 10.04.2023 са забелязани **66 цитирания** на 13 от публикациите, като те са главно от чуждестранни автори. Наблюдава се тенденция за бързо повишаване на този показател, тъй като в настоящия момент броят на цитиранията е **100**, като обзорната статия „**Transposable elements and microevolutionary changes in natural populations**” публикувана в списание *Molecular Ecology Resources*, е с най-много позовавания – 52 (дата на справката в Clarivate WoS – 24.06.2023 г.)

Група Е: Материалите по процедурата включват подробна информация за **участия в изследователски проекти, научни форуми и образователни инициативи**, проведени у нас и в чужбина. Това показва много добра активност в сферата на научната комуникация, разширяване на професионалните контакти и умения на кандидата. Д-р Бончев е участвал в **7** национални програми и научноизследователски проекта, финансирани от Фонд Научни изследвания и МОН. Член е на научните колективи на **3** проекта, финансирани от Международната Агенция за Атомна Енергия (МААЕ Виена). Ръководител е на проект **BULCode**, финансиран по Националната програма „Европейски научни мрежи“ към Министерство на образованието и науката. За изпълнението му е обезпечен значителен финансов ресурс (**956 925** лв.) в полза на базовата организация ИФРГ-БАН. Значителна част от средствата е използвана за модернизирани на изследователската база на Института. Този аспект от професионалната активност на кандидата заслужава да бъде отчетен като специален принос, тъй като има пряко отношение към повишаване на научно-техническия капацитет на научното звено.

От подадените документи за участие в конкурса става ясно, че д-р Бончев е представил устни доклади (8) и е участвал като съавтор на постерни съобщения или лекции (10) на **8** форума, проведени в чужбина, и **9** международни и национални научни конференции, проведени в България. Бил е председател на Организационния комитет на Международна конференция по ДНК баркодиране и биоразнообразие (International Conference on DNA Barcoding and Biodiversity - ICDBB 2022), проведена се в периода 25-27 май 2022 г. в гр. София в рамките на ръководения от него проект BULCode.

Представена е информация за активното включване на д-р Бончев в обучения за повишаване на професионалната квалификация и усвояване на нови методи. Сред тях са изброени няколко специализирани курса, допринесли за утвърждаване и надграждане на изследователския профил на кандидата: **“DNA barcoding - from sequences to species”**, организиран от Norwegian University of Science and Technology; IAEA Regional Training Course **PCR Based Molecular Marker Systems**, Катовице, Полша; European Networking Summer School **“Plant Epigenetics”**, IPK Gatersleben, Гатерслебен, Германия; курс **7th BioSapiens European School in Bioinformatics**, гр. Базел, Швейцария и др.

3. Научни трудове, посочени за участие в конкурса за заемане на академичната длъжност „доцент”

За участие в настоящия конкурс са представени **16 научни труда** (3 от тях са обзорни публикации), които не повтарят посочените за придобиване на ОНС "доктор". В **11** от тези статии, д-р Бончев е посочен като **първи или кореспондиращ** автор. Този параметър доказва, че той е постигнал необходимото професионално развитие за самостоятелна и задълбочена изследователска работа в избраното научно направление. Основните приноси от научната дейността на д-р Бончев са резюмирани в 8 страници, предоставяйки систематизирана информация за извършената експериментална работа, като той дефинира ясно своето активно участие в почти всички представени публикации (единствено за Г7_9 липсват съответните детайли). Представените статии за конкурса са

от различни етапи на професионалния път на кандидата, като негови съавтори са български и чуждестранни учени, с които е работил в рамките на различни научни проекти. Сред изброените списания се открояват авторитетни заглавия като *New Phytologist* (Wiley), *Molecular Ecology Resources* (Wiley), *Environmental Science and Pollution Research* (Springer) и *Frontiers in Plant Science* (Frontiers Media), което е признак за високото качество на резултатите, представени пред научната общност. Общият **JCR IF** на всички публикации за конкурса е **55.553**, като общият JCR IF на тези от тях, в които кандидатът е **първи или кореспондиращ автор**, е **33.242**.

4. Научен профил и основни научноизследователски приноси

Д-р Бончев е съсредоточил научната си работа върху структурната динамика на растителния геном и изучаването на свързаните с нея процеси при нормални и стресови условия. Голяма част от изследванията му са посветени на разработване на ДНК маркери за генотипиране и оценка на генетичното разнообразие при диви растения и селскостопански култури. През последните няколко години той развива и нова изследователска линия в областта на ДНК баркодирането, като така популяризира на национално ниво тази сравнително нова тематика. В тази връзка считам, че изследователският профил на кандидата е изцяло в областта на обявения конкурс за „доцент” по специалност „Генетика” за нуждите на лаборатория „Геномна динамика и стабилност” към ИФРГ-БАН.

Застъпените **научни тематик** могат да бъдат систематизирани в **две основни направления**: „Разработване на ДНК маркери за генотипиране и оценка на естественото и мутантно генетично разнообразие при растенията” и „Геномна селекция при житните”.

4.1. Разработване на ДНК маркери за генотипиране и оценка на естественото и мутантно генетично разнообразие при растенията.

В това направление кандидатът представя най-много оригинални научни приноси, които са разпределени в две добре обособени подкатегории: „*Подвижни генетични елементи, структурна динамика, разработване и прилагане на транспозон-базирани маркерни методи*” и „*Таксономични проучвания чрез прилагане на маркерна методология ДНК баркодиране*”.

4.1.1. Подвижни генетични елементи, структурна динамика, разработване и прилагане на транспозон-базирани маркерни методи (отразено в публикации **V4_4, V4_5, Г7_5-11).**

Основна част от разработките на кандидата са в областта на подвижните генетични елементи (транспозони). Д-р Бончев представя публикации, в които е застъпено използването на методи, базирани предимно на подвижни генетични елементи от клас I (ретротранспозони). Ретротранспозон-базирани методи са широко прилагани за анализ на популационната и еволюционна генетика. Те играят важна роля за промените в генома в хода на еволюцията, тъй като са активни участници в процесите на транслокация на генетични последователности. Също така те имат способността да променят генната експресия чрез интегрирането си в регулаторни ДНК участъци и участват активно при пренареждането на екзони.

Професионалният афинитет на д-р Бончев към генетични анализи, базирани на ретротранспозони, е ясно изразен, съдейки по успешното им прилагане в изследвания на полиморфизми в различни растителни видове и различни експериментални контексти.

Ретротранспозон-базираната маркерна система **REMAP** (REtrotransposon-Microsatellite Amplified Polymorphism), вид генетично профилиране, основаващо се на амплификация на зоните между ретротранспозона BARE-1 и съседните нему повтори от микросателитни ДНК, фигурира сред изследователския инструментариум на кандидата. С помощта на този метод той и неговите колеги от Университета Комениус са охарактеризирали филогенетичното родство и генетична дивергенция при еволюцията, съпътстваща процесите на превръщането на ечемика в култивиран от човека растителен вид (статия **B4_4**). Резултатите показват значително ниво на между- и вътревидови генетични полиморфизми, което е индикация за това, че BARE-1 ретротранспозоните са едни от прицелните елементи в процесите, свързани с наблюдаваната геномна динамика.

В рамките на това сътрудничество д-р Бончев публикува и други интересни резултати върху изследване на генетичната дивергенция в род *Hordeum*, прилагайки за първи път транспозон-базирания маркерен метод **iPBS** (inter-Priming Binding Site) при работа с растителен обект. Благодарение на това е постигнато по-детайлно охарактеризиране на генетичната структура на вида *Hordeum agriocrithon*, очертавайки неговия хибриден произход (статия **B4_3**). Получените резултати дават основание представителите на *H. spontaneum* да бъдат посочени като предшественици на *H. agriocrithon*. Събраните данни показват, че култивирането на тези видове ечемик най-вероятно е започнало първоначално в района на Каспийско море.

С метода **iPBS** д-р Бончев участва по-късно и в друго изследване, имащо за цел да оцени въздействието на неоникотиноиди върху геномния интегритет при слънчоглед (**G7_5**). При направеното **iPBS** профилиране се визуализира различната степен на полиморфизъм между индивидите, които са третирани с този вид пестициди и контролните растения.

Убедително доказателство за успешно прилагане на друг метод от същата категория маркерни системи „**Transposon Display**” е публикацията в списанието *New Phytologist* (статия **G7_6**). Чрез нея са изучени важни аспекти от динамиката на различни класове ретротранспозони при популации *Arabidopsis lyrata* от Северна Америка. Изследването включва прилагане на различни еволюционни модели, прогнозиращи специфичната честота на транспозон-свързани събития при самоопрашващи се видове и видове с кръстосано опрашване в малки и големи популации. Едно от интересните наблюдения, направени в рамките на това изследване е, че независимо от своята относителна неутралност, подвижните генетични елементи оказват негативен ефект върху процеса мейоза дори и в хетерозиготно състояние. Използваната маркерна техника „**Transposon Display**” може да се прилага при изследвания от областта на функционалната генетика, тъй като при нея се идентифицира мястото на интегриране на транспозоните в генома.

В списъка от публикации за конкурса фигурират две статии, които демонстрират приложението на транспозон-базираните маркери за генотипиране на растителен материал, използван в селекцията при царевица (статия **G7_7**) и при видово определяне на представители от семейство *Asteraceae* (видове *Helianthus*, *Echinaceae*, *Tagetes* и *Verbesina*, статия **B4_2**). В тези изследвания са използвани съответно техниките **REMAP** и **iPBS** за оценка на генетичната отдалеченост на изследваните обекти.

Д-р Бончев представя и една публикация, описваща работата му с клас II подвижни генетични елементи (ДНК транспозони) (**B4_5**). В нея са изследвани метилационните и генетични профили на автономните **Ac-подобни транспозони** в мутантни линии тип

sphaerosocum на хексаплоидна пшеница и тритикале, генерирани чрез етилметан сулфонат (EMS). Резултатите ясно демонстрират транспозон-активиращия потенциал на този широко използван мутаген.

4.1.2. Таксономични проучвания чрез прилагане на маркерна методология ДНК баркодиране

В тази категория кандидатът представя четири публикации, доказващи успешното внедряване на баркодирането като съпътстващ метод за таксономично идентифициране на растения и фитопатогенни гъби.

4.1.2.1. Таксономично идентифициране и екологично генетично разнообразие при растения (отразено в публикации **B4_1**, **Г7_2**, **Г7_4**)

Основен изследователски обект в представените публикации от тази категория са медицински растения (от родове *Thymus*, *Nepeta* и *Sideritis*), сред които фигурират ендемични видове, чието генетично разнообразие е слабо проучено. Таксономичните анализи (**B4_1**) и определянето на между- и вътревидовото генетично разнообразие (**Г7_2**, **Г7_4**) се основава на идентифициране чрез изследване на хлоропластни ДНК баркод области. Включено е профилиране на гена, кодиращ голямата Rubisco субединица (*rbcL*), интергенният регион *trnH-psbA* (силно изменчив участък от хлоропластния геном на покритосеменните) и пластидния ген за матураза К (*matK*). Участието на д-р Бончев в екипа, определил растението *Sideritis elica* (Родопска елика) като нов вид, принадлежащ към семейство *Lamiaceae*, намери отзвук и в средствата за масова информация, което популяризира сред българската общественост дейността на ИФРГ (**B4_1**). Откриването и описването на този български ендемит е с фундаментална значимост за националното биоразнообразие, тъй като допринася както за неговото по-пълно характеризиране, така и за опазване и рационално използване на редки и ценни видове от българската флора. Публикацията е определена за **научно постижение на ИФРГ за 2022 г.**

4.1.2.2. Таксономично идентифициране на фитопатогенни гъби при култури от семейство *Solanaceae*

Д-р Бончев представя резултати, демонстриращи приложимостта на методологията ДНК баркодиране за таксономично идентифициране на фитопатогенни гъби при културни растения (публикация **Г7_1**). За целта той прилага комбиниран методологичен подход, съчетавайки „PCR fingerprinting” техника **ITS** („Internal Transcribed Spacer”) и профилиране на “house-keeping” гени, кодиращи структурни белтъци (актин, тубулин и актин-свързващ белтък EF-1a). Изследването има значителна практическа стойност, тъй като патогените, които са във фокуса на експерименталната работа, засягат множество растителни видове в т.ч. и културни растения от сем. *Solanaceae*. Заключение от направените изследвания е, че приложението на мултилокусен баркод анализ е необходимо условие за успешна идентификация на различните видове патогени в група гъбни изолати.

4.2. Геномна селекция при житните

Кандидатът представя и публикация в областта на геномната селекция (**Г7_3**). Този вид изследвания прилагат модели за генетична оценка, които са базирани на определени

ДНК маркерни последователности. В статията е отразено подробно определянето на локуси за устойчивост към брашнестата мана при тетраплоидна пшеница. В конкретното изследване, осъществено съвместно с екип от учени от Университет Комениус, е приложено **DArTseq** генотипиране (“Diversity Arrays Technology sequencing”) и QTL анализ (“Quantitative Trait Loci”) на специално подбрани картиращи популации. Вследствие на това са идентифицирани нови мултигенни локуси, обуславящи устойчивостта към патогена. Брашнестата мана е една от най-разпространените болести по житните посеви. Идентифицирането на нови признаци за резистентност и тяхното прилагане в растениевъдните програми, понастоящем се счита за най-ефективният начин за контролиране на патогена. Следователно, новооткритите мултигенни локуси имат значителна практическа стойност и могат да намерят приложение в бъдещи селекции за устойчивост към болестта.

5. *Професионално сътрудничество, организационна и обучителна дейност*

Активната работа на д-р Бончев по отношение на установяването на научни контакти и мрежи от сътрудничества на национално и международно ниво е убедително подкрепена от ключовата му роля при разработването и координирането на проекта BULCode. В тази връзка д-р Бончев инициира провеждане на координационни срещи между научни организации от България за създаването на Национална мрежа по ДНК баркодиране (с работно име **BulBOL**). Кандидатът организира редица обучения и изследователски походи, в които се включват членовете на работния екип и студенти, проявяващи интерес към ДНК баркод тематиката. Сред тези инициативи може да бъдат изброени: **Обучителен курс по ДНК баркодиране и работа с база-данни** (Юндола, 2023); два уъркшопа на тема „**Въведение в ДНК баркодирането**“ и два обучителни семинара - „**Зелено училище**“ и координационна среща на екипа по проект BULCode.

Специален акцент заслужава **приносът на д-р Бончев за организирането на Международната конференция по ДНК баркодиране и биоразнообразие** (International Conference on DNA Barcoding and Biodiversity), тъй като събитието безспорно повиши международната видимост на ИФРГ-БАН в областта на този вид изследвания. Форумът предостави възможност за обмен на знания и установяване на нови професионални контакти между голям брой учени от различни страни, работещи в тази сфера.

Както е видно от представените публикации, кандидатът си сътрудничи активно и с колеги от ИФРГ (лаборатория „Експериментална алгология”, лаборатория „Регулатори на растежа и развитието на растенията”), като споделя своята експертиза в областта на използването на ДНК маркери, в т.ч. ДНК баркодиране за таксономично изследване на микроводорасли, лечебни растения и редки застрашени видове.

В резюмето на научните си приноси кандидатът ясно подчертава необходимостта от разширяване на мрежата от сътрудничества и привличане на млади учени, които да бъдат активно ангажирани в изследователския процес. От представените документи за участие в конкурса добре личат последователните действия на кандидата в тази насока.

Д-р Бончев е бил академичен наставник на студенти от Биологическия факултет на СУ „Св. Кл. Охридски“ и Нов Български Университет в програмата „Студентски практики“ по Оперативна програма „Развитие на човешките ресурси”, като темата на програма, върху която са обучавани студентите, е „ДНК молекулярни маркери при растенията“ (хорариум 240 ч.). Той има опит и като преподавател в практически курс по “Функционална генетика – геномика”, включен в магистърски програми “Генетика” и “Генно и клетъчно инженерство” в Биологически факултет на Софийския университет Св.

Климент Охридски”. Проведените занятия са с продължителност 75 часа за 2008-2009 г. и 90 часа за 2009-2010 г.

7. Препоръки

Систематизираното представяне на материалите за участие в настоящия конкурс прави много добро впечатление и улеснява в значителна степен тяхната оценка.

В кандидатурата на д-р Бончев личи добре обособената изследователска експертиза в областта на подвижните генетични елементи и по-специално тяхното приложение в редица маркерни техники за генотипиране и откриване на полиморфизми. В тази връзка, бих препоръчала на кандидата да се възползва от натрупания опит и да разшири изследователската си работа в посока изучаване ролята на транспозоните в регулацията на генната експресия предвид важната им роля за “заглушаването” на гени („gene silencing”) и алтернативния сплайсинг. Те представляват и основен елемент от епигенетичния феномен на "импринтинг". Бъдещи изследвания в тази насока биха дали възможност за установяване на нови сътрудничества и работа върху актуални тематика в областта на функционалната геномика.

8. Заключение

Като ръководител на лаборатория по „Геномна динамика и стабилност” и специалист с утвърден изследователски профил в областта на ДНК молекулните маркери д-р Бончев работи усилено за повишаване на научната експертиза на звеното в тази област на изследвания. За целта той активно си сътрудничи с изявени специалисти у нас и в чужбина за оптимизиране приложимостта на ДНК-маркерните технологии при различни биологични обекти – растения, животни, гъби и водорасли. Амбицията му да привлече млади учени за работа по темата ще увеличи научния капацитет в ДНК-базираните генетични изследвания, насърчавайки потенциала им за практически приложения, в т.ч. предоставянето на експертиза в областта на екологията и биоразнообразието, анализ на смесени проби от различни биологични обекти и др.

Въз основа на направения преглед на научните трудове и проектната дейност на кандидата, взимайки предвид и активната му роля за популяризирането на перспективна изследователска линия в областта на ДНК баркодирането, която все още е слабо разработена на национално ниво, препоръчам на уважаемото Научно жури да присъди на главен асистент д-р Георги Николаев Бончев академичната длъжност „доцент” по научна специалност „Генетика” в лаборатория „Геномна динамика и стабилност” на ИФРГ-БАН.

28. 06. 2023 г.

Рецензент:

София

(доц. д-р Ирина И. Васева)