

Рецензия

от проф. дсн Лилян Крумов Сотиров, сек. Генетика,
Ветеринарномедицински Факултет при Тракийски Университет,
Стара Загора

на дисертационен труд “ *Генетично характеризирание на *Apis mellifera macedonica* (тип *rodorica*) – обект на Националната програма за развъждане на медоносните пчели в България*” с автор Вида Христова Георгиева и научни ръководители проф. д-р Евгения Нешова Иванова и проф. д-р Пламен Павлов Петров. Област на висше образование: 4. Природни науки, математика и информатика, Професионално направление: 4.3. Биологични науки, Научна специалност: Генетика.

Представеният ми за рецензиране труд съдържа 136 стандартни машинописни страници, които включват текст, таблици, диаграми, снимки и литературен списък. Цитирани са 154 автора от които 22 на кирилица, а останалите на латиница.

Ще започна рецензията си с малко статистика. Общо световното производство на мед годишно се изчислява на около 400 хиляди тона, но само 40 на сто от него се отчита официално. В световен мащаб производството на мед през последните няколко десетилетия се характеризира с динамични изменения. По континенти то е (в хил.т.): Америка – 2000 г. – 340, 2008 г. – 325 т.; Африка – 2000 г. – 144, 2008 г. – 166; Азия – 2000 г. – 448, 2008 – 639. По данни на Световната организация по прехраната и земеделието (ФАО) световното производство на мед се е увеличило в периода 2000-2008 г. с 32 на сто и е достигнало 1 517 хил. т. За последната отчетена година на ФАО (2012 г.) производството на мед в света леко се е увеличило – 1 592 701 т. (<http://faostat.fao.org/site/569/DesktopDefault.aspx?PageID=569#ancor>).

Най-големи производители на мед през 2008 г. са следните страни (в хил.т.): Китай – 367; Турция – 82; Аржентина – 81; Украйна – 75; САЩ – 74; Индия – 65; Русия – 57; Мексико – 55; Етиопия – 42; Бразилия – 37; Иран – 36; Испания – 30; Канада – 28; Танзания – 27; Корея – 26; Кения – 25; Ангола – 23; Унгария – 22; Румъния – 19; Австралия – 18;България – 10 (според други данни 6-7 000 т.). Най-големи износители на мед средно годишно са следните страни (в хил.т.): Китай – 90; Турция – 40; Аржентина – 20; Мексико – 20; Австралия – 10; България – 5; Италия – 2,5. Най-много мед се внася в

Германия, Англия, Япония и др. (<http://sinor.bg/33018-Proizvodstvo-na-pchelen-med-prez-21-vi-vek>).

Представям тази информация за да подчертая икономическото значение на отрасъла и че за да продължи да се развива успешно трябва да се полагат усилия за генетичното подобряване на популациите пчели у нас. Важен елемент от тази дейност е изучаването на генетичната структура на популациите пчели у нас. Вероятно това е мотивирало научните ръководители да поставят за цел на настоящия дисертационен труд „на базата на популационно-генетичен анализ, базиран на ензимни маркери да се характеризират особеностите на генетичния полиморфизъм в подложени на селекционен контрол български популации *Apis mellifera macedonica* (тип *rodopica*), които са обект на Националната програма за развъждане на медоносните пчели в България“.

I. Литературен преглед

Литературният преглед дава достатъчно пълна и точна информация, която обслужва и изяснява напълно избрания научен проблем. Направен е кратък, но интересен исторически анализ на медодобива по нашите земи. Вижда се, че местното население е отглеждало медоносни пчели още от древността (най-вероятно траките и славяните, а впоследствие и българите). Изяснена е класификацията, разпространението и значението на медоносните пчели. Подробно е разгледано състоянието на изследванията върху изменчивостта на медоносните пчели в България и е посочено, че Местната българска пчела е изучавана чрез прилагането на класически морфометричен анализ още от 30-те години на миналия век. Според направените досега изследвания Местната българска пчела представлява научен и практически интерес и е ценен изходен материал за бъдеща селекция. Според авторката на този труд към настоящия момент, целенасочени генетични проучвания, базирани върху популационно-генетичен ензимен анализ на местните медоносни пчели от типа *rodopica*, обект на сега действащата Национална селекционна програма, не са провеждани, което определя актуалността и значимостта на планираното проучване.

II. Цел и задачи – целта е ясно формулирана, а задачите напълно постижими.

1. Материал и методи – в изследването са включени 21 популации от различни бази на НРАП, с различни местообитания на територията на страната. На електрофоретичен анализ за периода на проучването (2013 – 2015 г.), са подложени общо 851 индивидуални тотални екстракти от пчели-работнички, събрани на случаен

принцип от по 10 пчелни семейства за всяка от включените в изследването развъдни бази. Индивидите са доставяни живи в лабораторията и съхранявани при температура -20% С, до използването им в електрофоретичния експеримент. Методите описани са достатъчно подробно, което позволява възпроизводството им. Изследван е полиморфизма на малатдехидрогенази (MDH), малат ензими (ME), фосфоглюкомутази (PGM), хексокинази (HK), неспецифични естерази (EST) и алкални фосфатази (ALP), посредством нативна електрофореза в полиакриламиден гел. Изучени са особеностите на генетично детерминирания полиморфизъм в популации *Apis mellifera macedonica* (тип *godorica*), подложени на селекционен контрол и характеризирани степента на генетична диференциация и консолидация на базата на избраните ензимни системи.

III. Резултати и обсъждане – може да се концентрират в следните точки:

I. Полиморфизъм по анализирания ензимни локуси

1. NAD – зависима малатдехидрогеназа (MDH, L-Малат: NAD-оксиредуктаза, EC 1.1.1.37). Проучването на електрофоретичните спектри показва наличието на алоензимните продукти на алелите MDH⁶⁵, MDH⁸⁰ и MDH¹⁰⁰, които са комбинирани в разнообразни хомо- и хетерозиготни генотипове: MDH-1⁶⁵/MDH-1⁶⁵; MDH-1¹⁰⁰/MDH-1¹⁰⁰; MDH-1⁶⁵/MDH-1¹⁰⁰; MDH-1⁶⁵/MDH-1⁸⁰; MDH-1⁸⁰/MDH-1⁸⁰; MDH-1⁸⁰/MDH-1¹⁰⁰. Установено е, че в генофонда на по-голямата част от изследваните популации (общо 16) MDH-1100 е по-често или най-често срещаният алел. На фигура 6 много експресивно са представени алелите и алелните честоти по MDH-1 локуса в генофонда на проучваните пчелни популации, а на фигура 7 е показано процентното разпределение на малатдехидрогеназните генотипове в проучваните популации.

2. NADP-зависима малатдехидрогеназа (Malic enzyme EC 1.1.1.40.-ME) L-малат: NADP – оксидоредуктаза. Установени са продукти от експресията на три алела на ME локуса, именувани съобразно подвижността им спрямо най-често срещаната фракция като ME⁹⁰, ME¹⁰⁰ и ME¹⁰⁶. Трите алела са комбинирани в различни генотипове (ME⁹⁰/ME⁹⁰, ME⁹⁰/ME¹⁰⁰, ME¹⁰⁰/ME¹⁰⁰, ME¹⁰⁰/ME¹⁰⁶ и ME¹⁰⁶/ME¹⁰⁶). Установените алелни и генотипни честоти са много добре представени във фигури 12 и 13.

По същият начин е изследван полиморфизма и на останалите ензими – Фосфоглюкомутаза, Хексокиназа, Неспецифични естерази, Алкални фосфатази. Генните и генотипни честоти на посочените ензими са представени във фигури 17, 18, 22, 23, 29, 30, 33 и 34.

От направения сравнителен популационно-генетичен анализ на пробите от изследваните пчелни популации, подложени на селекционен контрол и използвани в

Националната програма за селекция на медоносните пчели в България бе констатирано наличието на общо 21 алелни варианта по 6-те проучвани ензимни локуси. Най-голям брой алели – 5 – е намерен по отношение на EST-3 локуса, четири по НК локуса, по три за MDH, ME, PGM и ALP локусите. Най-голям брой алели бе констатиран в генофонда на популация Каварна – общо 17, а най-малък (11) – в популация Вехтово. В настоящото проучване средният брой алели за локус варира от 2.143 (за PGM) до 2.524 (за НК) и от 1.833 по всички локуси за популация Вехтово до 2.833 по всички локуси за популация Каварна. При направения статистически анализ не е констатирано наличие на частни алели (алелите, които се срещат само и единствено в конкретна популация), което е доказателство за сходство и консолидация по отношение на генетичното разнообразие в изследваните пчелни популации, подложени на селекционен контрол и използвани в Националната селекционна програма.

Общата средна стойност на наблюдаваната хетерозиготност (H_o) за всички изследвани популации е 0.218.

Нивото на хетерозиготност между индивидите в отделните субпопулации (FIS), на индивидите в общата популация (FIT) и степента на генетична диференциация между отделните субпопулации в общата популация (FST) за шестте проучвани локуса варират от 0.022 за ALP до 0.037 за MDH-1 със средна стойност 0.029, което демонстрира ниско ниво на генетична диференциация.

Изчислените на базата на шестте ензимни локуса стойности за потока на гени (N_m) между популациите, включени в настоящото проучване, варират от 6.522 за MDH-1 до 11.246 за ALP, със средна стойност 8.514. Стойност по-голяма от 2, показва ниска степен на генетична диференциация.

Авторката не намира високи стойности на коефициента на инбридинг FIS, което демонстрира и не високи нива на близкородствено кръстосване.

IV. Изводи – на базата на получените резултати са направени седем извода.

V. Приноси – приложена е справка за приносите, които общо са 7 бр. като 4 имат оригинален, а 3 потвърдителен характер. Приносите произлизат пряко от получените резултати.

VI. Автореферата съответства по съдържание на представената ми дисертация.

VII. Забележки – по отношение на текста и същността на самото изследване забележки нямам, но бих препоръчал на докторантката да насочи бъдещата си изследователска работа към търсене на връзки между установените алели и генотипове с продуктивните качества на пчелите и тяхната резистентност към някои особено

опасни инфекциозни заболявания, което ще даде практическа насоченост на цялото това изследване.

VIII. Заключение – считам, че е направено едно оригинално по рода си изследване при пчелите в България и поради това препоръчвам на членовете на почитаемото научно жури да присъдят на докторантката Вида Христова Георгиева образователната и научна степен “доктор”.

Подпис:

Проф. дсн Л. Сотиров