

# СТАНОВИЩЕ

от

доц. д-р Веселин Петров Баев, Пловдивски университет “Паисий Хилендарски”,  
катедра “Физиология на растенията и молекулярна биология”,

тел. 032 261 (560); 089 43 80 945; vebaev@plantgene.eu

на дисертационен труд за присъждане на образователната и научна степен ‘доктор’  
в област на висше образование : 4 ПРИРОДНИ НАУКИ, МАТЕМАТИКА И

ИНФОРМАТИКА

професионално направление 4.3 БИОЛОГИЧЕСКИ НАУКИ

Научна специалност: „Биоинформатика”

**Автор: ГЕОРГИ ИВАНОВ МИНКОВ**

Тема: “**Биоинформатични методи и софтуерни решения за *de novo* идентификация и анализ на растителни миРНК гени чрез данни от масово-паралелно секвениране**”

**НАУЧНИ РЪКОВОДИТЕЛИ:**

Доц. д-р Веселин Баев

## **1. Общо описание на представените материали**

Със заповед № Р33-5150/30.10.2017г. на научният съвет на ПУ “Паисий Хилендарски”, Пловдив съм определен за член на научното жури за осигуряване на процедура за защита на дисертационен труд на тема “**Биоинформатични методи и софтуерни решения за *de novo* идентификация и анализ на растителни миРНК гени чрез данни от масово-паралелно секвениране**” за придобиване на образователната и научна степен ‘доктор’ в област на висше образование 4. **Природни науки, математика и информатика**, професионално направление 4.3 **Биологически науки**, докторска програма **Биоинформатика**. Автор на дисертационния труд е Георги Иванов Минков – докторант на самостоятелна подготовка на обучение към ПУ “Паисий Хилендарски” катедра “Физиология на растенията и молекулярна биология” с научен ръководители – Доц. д-р Веселин Баев.

Представеният от Георги Иванов Минков комплект материали е **в съответствие** с Правилника за развитие на академичния състав и включва всички необходими документи. Приложени са и 2 броя публикации, като и двете са в списания с импакт фактор.

## **2. Кратки биографични данни на дисертанта**

Георги Иванов Минков получава бакалавърска степен по Приложна математика през 2008г. г. и магистърска степен по Биоинформатика през 2011г. към ПУ “Паисий Хилендарски”. В периода 2009 до момента работи като математик-информатик главен експерт към ПУ “Паисий Хилендарски”. От 2016 е докторант на самостоятелна подготовка по Биоинформатика към ПУ “Паисий Хилендарски” катедра “Физиология на растенията и молекулярна биология”.

## **3. Актуалност на тематиката**

Дисертационният труд на Георги Иванов Минков е **изключително актуален**, като се има предвид значимостта на изследваният проблем – на идентифициране и аотиране на нови миРНК гени в растителните геноми чрез данни от масово-паралелно секвениране. През последните години с развитието на технологиите за секвениране нуждата от биоинформатични решения за анализ и идентифициране на нови регулаторни миРНК гени е все по-голяма, върху което е фокусирана и настоящият дисертационен труд.

## **4. Познаване на проблема**

Докторантът представя изключително добър по обхвата си литературен обзор (205 публикации във връзка с поставената тема) и **отлично познаване на проблема**. Литературният обзор е отлично направен, като засяга всички нужни проблеми по тематиката към момента, освен това показва творческото отношение на докторанта към областта в която работи. Докторантът е посочил всички значими публикации в областта на миРНК характеристиките и тяхната идентификация в растителните геноми, както и е направен добър обзор на методите за секвениране от ново поколение на малки РНК молекули.

## **5. Характеристика и оценка на дисертационния труд**

В дисертационния труд са представени резултати от разработването и прилагането на софтуер за идентификация и анализ на растителни миРНК гени, базиран на интеграция на данни от масово-паралелно секвениране на малки РНК и деградомни секвенции.

Разработеният софтуер надгражда вече съществуващите програмни продукти за търсене и идентификация на потенциални миРНК гени в растителните геноми, като освен данни за малки РНК взима под внимание и интегрира данни от деградомни библиотеки. **Разработеният подход е иновативен** тъй като чрез деградомните данни разработеният софтуер може да разграничи реално експресираните миРНК локуси, при условие че дадена миРНК е дублицирана в няколко геномни локуса.

Софтуерният продукт е разработен модулно, като в първия си модул Clustering Module се анализират картираните малки РНК върху растителния геном и се търси миРНК характерния профил. Clustering Module е приложен за анализ на малки РНК от масово-паралелно секвениране данни от *Brachypodium distachyon* и за първи път са открити общо 102 миРНК гена в генома на този вид – 56 консервативни миРНК, принадлежащи към 21 семейства и 46 неконсервативни миРНК.

Модулите ClusterSD, miRNA2D и LoopRNA са разработени съответно за интеграцията и анализ на данни от деградомни библиотеки и респективно за изследване на 2D РНК структурата на потенциалните миРНК локуси. Три модулният софтуерен пакет (съставен от модулите ClusterSD, miRNA2D и LoopRNA) е обобщен в пакета miRDEG и прилагането му към данни от МПС за генома на *Solanum lycopersicum*, са потвърдени 25 миРНК, открити 22 нови локуса на известни миРНК и 7 локуса на нови миРНК гена.

В дисертационния труд се използва голяма палитра от методи и програмни решения чрез ООП и прилагането им към настоящият проблем за идентификацията и предсказването на растителни миРНК, което показва изключителната подготовка на докторанта за разработване на програмни решения свързани с анализ на данни от секвениране от следващо поколение.

Поставените цел и задачи, постановката на изследване и анализът на получените данни са в синхрон, и представляват една много добре обмислена и изпълнена дисертационна работа.

## **6. Приноси на дисертационния труд**

В настоящият дисертационен труд за първи път е разработен софтуерен продукт за идентификация на миРНК гени в растителни геноми като се взимат предвид данни и библиотеки от деградомни изследвания. За първи път са открити 102 нови миРНК в генома на *Brachypodium distachyon*, както и 29 в *Solanum lycopersicum*.

В дисертацията са направени и редица приноси с потвърдителен и методичен характер.

## **7. Преценка на публикациите по дисертационния труд**

Публикационната активност е отлична. Материалите по дисертацията са представени в 2 публикации, като и двете са в списания с импакт фактор. Едната от статиите има натрупани 11 цитирания.

## **8. Препоръки, забележки и въпроси по дисертационния труд**

**Нямам забележки или въпроси към докторанта.**

## **9. Заключение**

Работата напълно отговаря на изискванията на Закона на академичния състав на Република България, Правилника за неговото прилагане и правилника на ПУ “Паисий Хилендарски” за придобиване на образователната и научна степен “доктор”. Въз основа на това, **препоръчвам присъждането на Георги Минков образователната и научна степен “доктор” в област Биоинформатика.**

15.11.17

Пловдив

Изготвил становището: .....

/Доц. д-р Веселин Баев/