

До Доц.д-р Роберт Пенчовски
Председател на Научно жури
БФ на СУ”Св.Климент Охридски”
Гр.София

СТАНОВИЩЕ

От проф.д-р Радка Стефанова Тинчева, дм
Катедра”Педиатрия” МУ- София

Относно: Конкурс за заемане на академична длъжност „Доцент” по професионално направление 4.3.”Биологически науки” (Генетика-Генетика на човека) , за нуждите на Биологически факултет на СУ „Св. Климент Охридски”, София, обявен в ДВ бр. 44 от 29.05.2018 год.

За участие в конкурса са подадени документи от един кандидат – **Сена Карачанак- Янкова**, хоноруван асистент в БФ на СУ ”Св.Климент Охридски”.

Становището ми е съобразено със Закона за развитие на академичния състав в Р България, Правилника за приложението му и Правилника на СУ ”Св.Климент Охридски”- София

Професионално развитие:

Сена Карачанак- Янкова е родена на 27.02. 1982 год.в гр.Щип, Македания. Завършва висшето си образование през 2004 год. в Биологически факултет на СУ „Св. Климент Охридски”, София, специалност молекулярна биология. През 2006 год. придобива квалификация магистър по генетика към същия факултет с дипломна работа на тема «Асоциативни изследвания на протокадхериновите гени при шизофрения». През 2007 год. започва работа като асистент в Катедра Медицинска генетика при МФ на МУ- София, където и до момента е главен асистент. Провежда упражнения по медицинска генетика на български и английски език на студенти по медицина и фармация, на лаборанти. От 2016 год. е хоноруван асистент в Катедра по генетика на Биологическия факултет на СУ»Св.Климент Охридски». Провежда упражнения по обща генетика на студенти в бакалавърска степен по молекулярна биология и упражнения и лекции по задължителния курс «Генетика на човека» на студенти в магистърски програми «Генетика и

геномика». През 2013 год. в Катедрата по медицинска генетика на МФ-МУ София успешно защитава дисертационен труд на тема «Генетична структура на българската популация по У-хромозомата и митохондриалната ДНК».

Сена Карачанак- Янкова е преминала специализации в Катедра по биология и биотехнологии „ЛIVСпаланцени” и университета в Павия, Италия през 2007 и 2009 год.

Член е на: Българското дружество по генетика и геномика на човека, Европейското дружество по генетика на човека, секция”Генетика” към Съюза на учените в България.

Тя участва в написването на 6 глави в учебници и учебни помагала на български и английски език под редакцията на проф.Д.Тончева и проф.В.Ганев.

Научно-изследователска дейност:

Сена Карачанак- Янкова представя за оценка на научно-изследователската си дейност 34 научни публикации, от които 31 след придобиване на научна степен „Доктор по медицина”

- дисертация за придобиване на научна степен „Доктор по медицина”

- 3 публикации в български списания

- 28 публикации в чужбина

- 19 научни съобщения на международни научни форуми

- 8 научни съобщения на национални научни форуми от които две устни презентации

В представените научни трудове тя е първи автор в 6 публикации. Член е на големи авторски колективи, публикували в областта на популационната генетика и геномика и психиатричната геномика-публикации 1,6,8,10,12,13,14,16,17,21,22,23,24,25,26,31,32,33,34. Броят на цитиранията (без автоцитиранията) на всички публикации според базата данни SCOPUS е 2554. Общият импакт фактор на всички публикации е 369.794, а без трите публикации представени за придобиване на образователна и научна степен „доктор” е 361.946.

Публикациите на Сена Карачанак- Янкова са основно в следните научни направления:

1. Популационна генетика и геномика
2. Психиатрична геномика и геномика на честите болести
3. Геномика на дълголетие

Дисертационният и труд и седем публикации разглеждат генетичната структура на българската популация по У-хромозомата и митохондриалната ДНК. Проведените изследвания на мтДНК и Y-хромозомния хаплогрупен състав на съвременните българи са върху сравнително големи извадки и с използване на голям брой генетични

маркери. Авторите установяват висока честота на западноевразийски линии в българският митохондриален генофонд и правят извода, че българите се намират в средна позиция между източноевропейските и средиземноморските популации. Пет публикации разглеждат структурата и произхода на българския Y-хромозомен генофонд. Според проведените изследвания древните българи имат съществен принос при формирането на съвременния български народ. Отрича се общ генетичен произход с алтайските популации и говорещите тюркски езици средноазиатски популации.

Две публикации са филогеографски проучвания на Y-хромозомни хаплогрупи. Изследвани са честотата и изменчивостта на основната европейска Y-хромозомна хаплогрупа R1b1b2-M269 с цел да се установи дали разпространението ѝ е протичало през палеолита или неолита.

Определен интерес представляват публикациите, свързани с геномното проучване на европейските популации. Изследвани са данните за повече от 270 000 единични нуклеотидни полиморфизми (SNP), генотипирани с платформата Illumina Infinium за 3112 лица от Европа, включително и от България. Представена е европейска генетична карта, която има значение за междупопулационните генетични изследвания и цялостните геномни асоциативни проучвания (GWAS).

При анализ на данни за над 500 000 генетични маркери в 2000 индивида от 144 популации от Западна Евразия и други части на света е установена времевата линия на процесите на популационно смесване при формирането на съвременния западноевразийски геномен пейзаж. Определен е и периода на това смесване в Северна, Западна и Централна Европа с приток на генетичен материал от извън Западна Евразия - от 300 до 1200 год. от н.е.

При секвениране на 236 индивида от 125 популации е установено че дубликациите показват фундаментално различни популационни генетични следи и следи от естествения отбор в сравнение с делециите и се срещат четири пъти повече в генните последователности. Цялостното геномно секвениране на индивиди от популации от целия свят е дало възможност да бъде възстановен и изходния човешки геном, съществувал преди разселването на съвременните хора. Определянето ролята на вариантите в броя копия при развитието на болести и определянето на различни фенотипове има без съмнение клинично значение.

Г-жа Янкова е член на изследователски екип по Проектът "Саймънс геномна изменчивост" , който съдържа висококачествени геноми от 300 индивида от 142 различни популации. Анализът на данните разкрива важна информация за днешните човешки популации.

Три публикации (13,20,28) разглеждат произхода на съвременните популации, пряко тествани чрез изследване на антична ДНК (аДНК) възстановена от човешки останки. Проведено е митохондриално

филогенетично изследване на 13 прабългарски аДНК проби, изолирани от костни останки датирани от VIII- X век, открити в три български некропола: Ножарево (Силистренска област), „Манастира на Мостич“ (Шуменска област) и Туховище (Благоевградска област). Изводът е, че древните българи имат западноевразийски произход по майчина линия и са генетично подобни със съвременните българи. Във връзка с анализа на прабългарските проби е публикувана и методологична статия относно работата с древни кости и зъби.

Голям брой публикации са резултат от участието на г-жа Янкова в работната група по шизофрения към консорциума по психиатрична геномика - Schizophrenia Working Group of the Psychiatric Genomics Consortium. Изследванията на генетичната предразположеност към шизофрения и биполарно разстройство върху български извадки включват група от 255 български пациенти със шизофрения и шизоафективно разстройство и 556 здрави контроли – българи чрез генотипиране на 202 единични нуклеотидни полиморфизми (SNPs) в 59 кандидат-гена, за които се предполага, че допринасят за предиспозиция към шизофрения. От 183 успешно генотипирани SNPs, единствено полиморфизмът rs6277 (C957T) в DRD2 гена може да се счита за значимо асоцииран със шизофренията, което подкрепя една от най-широко приетите хипотези за етиологията на заболяването-допаминергичната хипотеза. Доказан е нов кандидат ген за шизофрения - *HHAT* (hedgehog acyltransferase) при GWAS проучване на 554 496 SNPs при 188 случаи и 376 контроли в българска извадка. Генетичната етиология на биполарно афективно разстройство в българската популация е анализирана чрез цялостно геномно асоциативно проучване (GWAS) последвано от репликативно проучване на първите 100 SNPs.

Проведено е многоетапно цялостно геномно асоциативно проучване върху големи кохорти за шизофрения. Идентифицирани са 128 независими асоциации предимно в гените, експресирани в мозъка. Освен тях, установено е, че асоциациите са по-чести в гените, експресирани в тъкани, които имат важни роли в имунитета, което дава генетична подкрепа на предполагаемата връзка между имунната система и шизофренията. Изследвана е и честотата на шизофренията при родствениците на пациенти с амиотрофична латерална склероза и асоциацията между предвидения генетичен риск от шизофрения и възрастта на жената при първо раждане. Всички тези резултати имат определено значение за изясняването на симптомите и потенциалното лечение на шизофренията и биполарното афективно разстройство. Работната група по шизофрения при консорциума по психиатрична геномика представя и анализ на данни от генотипиране на варианти играещи роля при 11 чести болести. Разработен е нов „LDpred“ метод за определяне и прогнозиране на сложния риск от заболяване при генетична предразположеност.

Две публикации на г-жа Янкова са в областта на геномика на дълголетие. Известна е генетичната предразположеност към дълголетие. Статиите разглеждат вероятните молекулни механизми на стареенето разбирането на които ще подпомогне изработването на лечебни стратегии, удължаващи продължителността на живота в условия на съхранена когниция и физическа активност. При две други мултифакторни заболявания е проведено секвениране от ново поколение за определяне на генетичната предиспозиция.

Г-жа Янкова има участие в пет научно- изследователски проекта, финансирани от Фонд "Научни изследвания" MOMH, два научно-изследователски проекта, финансирани от Съвета по медицинска наука при МУ- София и в един проект, финансиран от чужбина.

Преподавателска дейност:

Сена Карачанак- Янкова е главен асистент в Катедра „Медицинска генетика“ при МУ- София. За периода 01.01.2008 год. до 01.08.2018 год. тя има учебна натовареност 2928.75 часа като преподавател на студенти медици и фармацевти на български и английски език. От 2016 год. до сега е хоноруван преподавател към катедра „Генетика“ при Биологически факултет на СУ „Св.Климент Охридски“ като изнася лекции и провежда упражнения в бакалавърска и магистърска програми. Учебната и натовареност в това учебно заведение е 240 часа.

В заключение кандидатурата на г-жа Сена Карачанак- Янкова в конкурс за заемане на академична длъжност „Доцент“ в област на висшето образование по професионално направление 4.3. „Биологически науки“ (Генетика- Генетика на човека) за нуждите на Биологически факултет на СУ „Св. Климент Охридски“, София е на изграден специалист, преподавател и научен изследовател в областта на генетиката и изцяло съответства на законовите изисквания на ЗРАСРБ.

Подкрепям нейната кандидатура и препоръчвам на научното жури да гласува положително и да бъде присъдена академичната длъжност „доцент по генетика“ при Биологически факултет на СУ „Св. Климент Охридски“, София на г-жа Сена Карачанак- Янкова.

С уважение:

Проф.д-р Радка Тинчева, дм

10.10.2018 год.